TOM HIGHAM

EL MUNDO ANTES DE NOSOTROS

CÓMO LA CIENCIA ESTÁ REESCRIBIENDO LOS ORÍGENES DE LA HUMANIDAD

geoPlaneta CIENCIA

ACCESO ABIERTO

Índice

Portada
Sinopsis
Portadilla
Dedicatoria
Lista de ilustraciones
Nota sobre cronología y fechas
Introducción
Capítulo 1. Salida de África
Capítulo 2. Los neandertales salen a la luz
Capítulo 3. El camino a la cueva de Denísova
Capítulo 4. La revolución genética
Capítulo 5. Una nueva especie humana
Capítulo 6. ¿Dónde están los restos fósiles?
Capítulo 7. Agujas en un pajar
Capítulo 8. La ciencia del «cuándo»
Capítulo 9. Tras el rastro de la diáspora humana moderna
Capítulo 10. ADN de la tierra
Capítulo 11. Los «hobbits»
Capítulo 12. El viaje al este de la línea de Wallace
Capítulo 13. El «Homo erectus» y la población fantasma

Capítulo 14. Desaparecidos del mundo
Capítulo 15. Nuestro legado genético
Capítulo 16. El mundo antes de nosotros
Agradecimientos
Créditos fotográficos
Láminas
Notas
Créditos

Sinopsis

Hace cincuenta mil años, el Homo sapiens no era la única especie humana en el mundo. También hubo neandertales en lo que ahora es Europa, en Oriente Próximo y en partes de Eurasia; hubo hobbits (H. floresiensis) en la isla indonesia de Flores; hubo denisovanos en Siberia y el este de Eurasia; y hubo H. luzonensis en Filipinas.

Siempre nos hemos considerado únicos, pero en el tiempo evolutivo nuestra singularidad no existía hasta ayer y, aun así, ahora solo quedamos nosotros. ¿Qué ha pasado? ¿Estaba escrito que íbamos a conquistar el mundo o, si las circunstancias hubieran sido otras, denisovanos o neandertales ocuparían nuestro lugar? Esta es una historia de la humanidad contada por primera vez con todo su elenco de personajes.

Tom Higham, una de las eminencias mundiales en el campo de la paleoantropología, ofrece una apasionante sinopsis de nuestro conocimiento actual de los orígenes humanos y plantea nuevas e interesantes posibilidades, en particular sobre los contactos entre los sapiens y esas otras especies antes de su extinción.

EL MUNDO ANTES DE NOSOTROS

Cómo la ciencia está reescribiendo los orígenes de la humanidad

Para Joe, Miriam, Angelo y Elektra

Lista de figuras

1. Yacimientos en África con sus localizaciones geográficas.
2. Yacimientos en el Mediterráneo con sus localizaciones geográficas.
3. Los fósiles de *Homo sapiens* más antiguos conocidos, del yacimiento de Jebel Irhoud.
4. Plano de la cueva Rising Star.
5. Yacimientos en Europa y Oriente Próximo con sus localizaciones geográficas..
6. Pie neandertal de El Sidrón..
7. Yacimientos en Altái con sus localizaciones geográficas..
8. Plano de la cueva de Denísova..
9. Diente Denísova 2.
10. Cambios climáticos de los últimos 300 000 años..
11. Aguja de hueso perfectamente conservada de la cueva de Denísova..
12. Esquema de la reacción en cadena de la polimerasa.
13. Esquema de la secuenciación de Sanger.
14. Aumento del número de genomas antiguos completos publicados en 2010-2020.
15. Yacimientos en Extremo Oriente con sus localizaciones geográficas.
16. Svante Pääbo y el autor en la cueva de Denísova en el 2014.

17. Método de uso de ZooMS para identificar huesos humanos.
18. Punta de hueso de Uphill.
19. Colgante de diente de reno perforado de la cueva de Denísova.
20. Muestra «ojo de cerradura» de un ornamento dental denisovano.
21. Base del modelo bayesiano de la cueva de Denísova.
22. Edades finales calculadas para los restos fósiles de la cueva de Denísova.
23. Distribución de yacimientos del Paleolítico Superior Inicial por Eurasia y el norte de África.
24. Punta emirana.
25. Descubrimientos arqueológicos en Ksar Akil.
26. Evento climático H5 en Mandrin.
27. Maxim Kozlikin, Michael Shunkov, Anatoli Derevianko y el autor en Novosibirsk.
28. Cómo funciona el cruzamiento y la recombinación.
29. Dataciones con radiocarbono del Hombre de Ust'-Ishim y los artefactos de la cueva de Denísova.
30. Denísova 14 y Denísova 15.
31. Yacimientos en el archipiélago malayo con sus localizaciones geográficas.
32. Yacimientos en Sahul con sus localizaciones geográficas.
33. Yacimientos en Java con sus localizaciones geográficas.

34. Sangiran 17.
35. Nueva datación de la evidencia neandertal europea.
36. Sección del genoma del Hombre de Oase.
37. Yacimiento de Serino.

CUADERNILLO DE COLOR

1. Vista del campamento de Denísova y el valle de Anui.
2. Entrada de la cueva de Denísova.
3. En la cámara este, Denísova.
4. Decoración de plumas neandertal.
5. El *«hashtag»* de la cueva de Gorham, Gibraltar.
6. Imagen de La Pasiega en España.
7. El Viejo de La Chapelle-aux-Saints.
8. Johannes Krause.
9. Svante Pääbo.
10. Falange de Denísova 3.
11. Reconstrucción artística de la muchacha Denísova 3.
12. Molar Denísova 4.
13. Colgantes de diente de mamífero perforado procedentes de la cueva de Denísova.
14. Cuentas de cáscara de huevo de avestruz de la cueva de Denísova.
15. Flauta paleolítica del yacimiento de Hohle Fels (Alemania).
16. Anillos, cuentas, placas y un posible botón de los denisovanos.

17. El autor con una copia de Denny.
18. El hueso de Denny.
19. Sam Brown.
20. Cueva de *«hobbits»* de Liang Bua; excavación del *«hobbit»*; excavación y reconstrucción del *«hobbit»*.
21. Mandíbula de Xiahe.
22. Cueva kárstica de Baishiya.
23. Cueva de Bruniquel.

Nota sobre cronología y fechas

La mención de fechas es frecuente en este libro, así que quizá resulte útil exponer unos conceptos rápidos sobre la terminología general.

El período conocido popularmente como Edad de Piedra dura desde hace unos 3,3 millones de años hasta hace unos 5000, abarcando por tanto más del 99 por ciento de la prehistoria tecnológica humana. Se divide en tres épocas: la Edad de Piedra Antigua, o Paleolítico; la Edad de Piedra Media, o Mesolítico; y la Nueva Edad de Piedra, o Neolítico. A su vez, la Edad de Piedra Antigua se divide en Paleolítico Inferior, Medio, Superior y Tardío.

La datación de estos períodos varía en distintas partes del mundo.

El Paleolítico empieza con los primeros útiles líticos, datados actualmente hace unos 3,3 millones de años en África, en el yacimiento keniata de Lomekwi. El Paleolítico Medio comienza hace 300 000-350 000 años y termina entre 40 000 y 50 000 años atrás, dependiendo de la región del mundo a la que nos refiramos; abarca el período de los neandertales y también la fabricación de herramientas con un método nuevo conocido como Levallois, en el que los útiles líticos se vuelven notablemente más eficaces por el tamaño de su filo cortante. Viene después el Paleolítico Superior, con frecuencia vinculado exclusivamente a nuestra especie, aunque en rigor esta teoría ya no se sostiene.

El presente libro se centra por lo general en el Paleolítico Medio y Superior, y —un punto importante— en la naturale-

za de la transición entre uno y otro.

El Mesolítico empieza hace unos 15 000 años, al término de un largo período de frío glacial conocido como la Edad de Hielo. Al calentarse el clima en el mundo, se abrieron nuevos hábitats a los que se trasladaron los humanos provistos de nuevas tecnologías líticas y desde donde explotaron un amplio espectro de recursos alimenticios como mamíferos pequeños y alimentos marinos.

El Neolítico, que empieza hacia el 10 000 a. C., se caracteriza por el desarrollo de la agricultura, que se extendió desde varios centros dependiendo de los cultivos y de los animales ya domesticados. El Neolítico suele asociarse a útiles líticos pulimentados, a un estilo de vida sedentario más que a la caza y la recolección y a la cerámica o la alfarería.

Introducción

Lunes, 22 de junio del 2015 a las 9.10 horas. Uno de los grandes momentos de mi vida. Me encontraba en el Laboratorio de Investigaciones Arqueológicas de la Universidad de Oxford, donde he trabajado los últimos veinte años. Con una de mis alumnas, Samantha Brown, estaba a punto de sostener por primera vez en mi mano el huesecillo de un ser humano que vivió hace unos 120 000 años.

Lo habíamos encontrado, un hueso entre decenas de miles de fragmentos, empleando un novedoso método científico denominado ZooMS, acrónimo de «zooarqueología por espectrometría de masas». La perseverancia de Sam, que tomó durante semanas muestras diminutas de más de 1500 fragmentos óseos del yacimiento de la cueva de Denísova en Siberia para analizarlos, había dado sus frutos.

El hueso era minúsculo, solo 2,4 cm de largo, pero, tal y como descubrimos después, verdaderamente singular. Es, hasta el momento, el único resto fisiológico existente de un individuo que era un híbrido genético: el vástago de dos grupos humanos diferentes. La madre de esta joven era una neandertal y el padre un denisovano, un grupo diferenciado de humanos descubierto en el 2010 por genetistas del Instituto Max Planck en Alemania cuando analizaban material del yacimiento de Denísova. Debemos considerarlos primos leja-

nos nuestros y primos cercanos de los neandertales, que vivieron principalmente en Europa y el Levante hace entre 250 000 y 40 000 años.

Este diminuto hueso constituye la primera identificación arqueológica de un híbrido de primera generación (F-1). Su aparición nos lleva a preguntarnos con qué frecuencia pudieron haber ocurrido hechos como este entre poblaciones del pasado remoto y lo que significan las designaciones de especies cuando tratamos con grupos humanos diferentes. ¿Cómo podemos decir que dos especies son distintas si, tal como parece a la vista de este hallazgo, pueden cruzarse con éxito?

Encontrarlo fue una suerte increíble, pero, como suele decirse, cada cual se forja su suerte. El hallazgo fue posible, como ocurre tantas veces en el mundo de la paleoantropología, gracias a la colaboración entre equipos de arqueólogos e investigadores que, mediante el empleo conjunto de métodos científicos avanzados, están abriendo nuevas perspectivas en la historia de la humanidad temprana.

Este libro explora el Paleolítico (o Edad de Piedra), una fase fundamental de la evolución humana que abarca aproximadamente entre 300 000 y 40 000 años atrás; un período en el que nosotros, *Homo sapiens*, nos convertimos en nosotros. Este campo de investigación ha cambiado radicalmente en las dos últimas décadas, y lo que ahora sabemos sobre nuestro pasado remoto difiere mucho de lo que creíamos hace tiempo. Esta es una historia de investigación arqueológica, a menudo en terreno dificultoso, combinada con nuevos méto-

dos de laboratorio que nos ayudan a contestar las preguntas más fundamentales: de dónde venimos y cómo nos convertimos en humanos. Es también una historia sobre hallazgos fortuitos, con frecuencia descubiertos por personas no especializadas: coleccionistas, mineros, cazadores, pescadores, gente que reparó en algo inhabitual —un hueso, un trozo de mandíbula o un fragmento de cráneo— y se lo comunicó a los expertos. Algunos de los fósiles de los que aquí hablamos figuran entre los más importantes de la paleoantropología.

A diferencia de otros períodos arqueológicos más recientes, para los que tenemos la suerte de contar con evidencias de asentamientos, cementerios, casas y desechos domésticos —vasijas, huesos de animales, metal, etc.—, las evidencias del Paleolítico suelen ser fragmentarias y hallarse en mal estado de conservación: piezas diminutas de un rompecabezas que nunca podremos resolver del todo. Los propios denisovanos constituyen un ejemplo. En el 2020 solo existían seis muestras biológicas de esta población: tres dientes y tres fragmentos de hueso (además del hueso híbrido, que, supongo, cuenta como medio denisovano). No se conservan cráneos ni esqueletos completos. Pese a ello, hay una cantidad relevante de información que ya manejamos y podemos deducir de las evidencias recopiladas hasta el momento. Una gran parte procede del campo de la genómica antigua, una técnica pionera que nos ha permitido indagar en busca de evidencias moleculares de los denisovanos y explorar aspectos de su historia poblacional con implicaciones tanto para nosotros como para ellos. Sin embargo, los acontecimientos de este período de la evolución humana pueden desdibujarse rápida-

mente, y un descubrimiento aislado puede cambiar nuestra interpretación y nuestro modo de enjuiciar lo que sucedió en el pasado; por eso resultan tan estimulantes estas exploraciones. Los descubrimientos recientes han engrosado extraordinariamente nuestros conocimientos sobre los denisovanos y su forma de vida, su distribución geográfica y su aportación a determinados aspectos de nuestro mundo moderno.

Durante los últimos años he trabajado con el equipo de la cueva de Denísova, y en ese tiempo mi labor ha consistido en datar el yacimiento y los restos arqueológicos que contiene, y en colaborar con otros para descubrir más huesos humanos como el huesecillo híbrido. Una parte de la historia que quiero contar trata sobre este yacimiento y los asombrosos descubrimientos arqueológicos y genéticos que ha propiciado.

Pero los denisovanos constituyen solo un aspecto de una historia mucho más vasta. Lo que sabemos sobre la evolución de nuestro género, *Homo*, ha cambiado radicalmente durante las dos décadas pasadas. La ciencia ha demostrado inequívocamente que la Tierra primigenia era un lugar de extraordinaria complejidad hace 50 000 años. Tomando prestadas las palabras de Tolkien, debemos considerarla una verdadera «Tierra Media» en cuanto a la diversidad de formas de la familia humana que existía en aquel tiempo. Había cinco, seis o incluso más tipos de humanos presentes en distintas partes del mundo. Me propongo ensanchar la historia de la evolución humana e investigar quiénes formaban estos grupos, así como plantear la pregunta de por qué solo quedamos nosotros.

Es de suma importancia averiguar nuestros orígenes más remotos, y por eso en el capítulo 1 conoceremos a los primeros antepasados humanos, que surgieron en África hace unos 250 000-300 000 años, e indagaremos por qué se extendieron al resto del mundo. No hay que suponer ni por un instante que esta historia de nuestros orígenes africanos se reduce a la de nuestra evolución en ese continente y nuestra posterior expansión hacia el exterior. Veremos que en tiempos de nuestra evolución temprana no estábamos solos en África; allí vivían también otros linajes humanos, y es probable que coincidieran con nosotros geográfica y temporalmente. Descubriremos quiénes fueron estos otros humanos y qué clase de contacto pudimos tener con ellos.

Tras su éxodo africano, nuestros antepasados se encontraron con otras especies humanas. En Europa, el Levante, Asia central y el macizo de Altái vivían los neandertales, nuestros parientes más conocidos. Después, conforme la historia humana se extiende al este de Eurasia y el sureste asiático (capítulos 3 y 6), sabremos de otros miembros de nuestra familia descubiertos más recientemente, entre ellos los denisovanos, por supuesto; los enigmáticos *hobbits (Homo floresiensis)*, que solo vivieron en la isla indonesia de Flores; así como un nuevo pariente humano en la isla de Luzón, en Filipinas, descubierto en fecha tan reciente como enero del 2019 (capítulo 11). Conoceremos también al *Homo erectus*, un linaje humano mucho más antiguo que se remonta a unos 1,6 millones de años atrás, y plantearemos si pudieron haber sobrevivido más de lo esperado y quizá coincidir con nuestros antepasados humanos modernos cuando llegaron por prime-

ra vez al archipiélago malayo (capítulo 13). Seguiremos los pasos de nuestros antepasados cuando penetraron en medios nuevos y tierras desconocidas: Australia y Nueva Guinea (capítulo 12), los bosques pluviales del sur de Asia y Sumatra, las regiones templadas septentrionales de Siberia y otros lugares (capítulo 9). ¿Qué se vieron obligados a hacer para sobrevivir en estos nuevos parajes? ¿Cuál fue el efecto del clima y hasta qué punto era distinta la apariencia del mundo en aquellos tiempos remotos?

Nos plantearemos lo que ocurrió cuando estos grupos coincidieron en el mundo que nos precedió. ¿Hubo contacto? Y, en tal caso, ¿hasta qué punto? ¿Intercambiamos genes? ¿Compartimos ideas y cultura? ¿Heredamos un legado cultural y genético de aquellos antiguos humanos desaparecidos? ¿O sencillamente los erradicamos en nuestro viaje para convertirnos en los últimos humanos sobre la tierra? ¿Qué fue de aquellos parientes perdidos (capítulo 14)?

Cuando empecé mi doctorado en julio de 1990, recuerdo estar con mi bata blanca en un laboratorio de química, ante un banco con tubos de ensayo y mecheros Bunsen, «haciendo datación por radiocarbono». Era una sensación increíble. Recuerdo contemplar con admiración el increíble laboratorio que tenía delante, pensando en el poder de esta ciencia que permitía datar acontecimientos de la prehistoria humana sucedidos hace 10 000, 20 000, 30 000 o más años. Me quedé enganchado.

Siempre he sentido fascinación por el pasado —mi padre es arqueólogo— y me considero muy afortunado por trabajar ahora en la Universidad de Oxford en uno de los primeros laboratorios arqueológicos del mundo, semillero en el desarrollo de nuevos métodos para comprender el pasado.

La arqueología del siglo XXI se está volviendo cada vez más emocionante por lo mucho que hoy se puede descubrir incluso a partir de minúsculos fragmentos de material. La arqueología es un saber multidisciplinar que tiende puentes entre las ciencias y las humanidades, cosechando los beneficios obtenidos del aluvión de avances científicos en diversos campos durante los últimos treinta y tantos años. Atrás quedaron los días de exploradores solitarios o de pequeños grupos de arqueólogos que desenterraban materiales y comunicaban sus hallazgos a otros colegas en secreto o mediante áridas monografías e informes. Para hacer un buen trabajo se requiere un análisis preciso y riguroso posterior a la excavación, así como una amplia variedad de conocimientos. Esta no es labor para una persona sola, y por eso resulta fundamental formar grupos para trabajar conjuntamente. La arqueología es, sin duda, un deporte de equipo.

El brazo científico de la arqueología representa una creciente mayoría de todas las publicaciones en este campo. La datación por radiocarbono, el método cronométrico que anunció el nacimiento de la ciencia arqueológica a principios de la década de 1950, es una herramienta empleada hoy en más de un centenar de laboratorios de todo el mundo que nos permite datar acontecimientos sucedidos hasta hace poco más de 50 000 años. Como veremos en el capítulo 8, las

mediciones radiocarbónicas con un método denominado «estadística bayesiana» nos proporcionan ahora unos cálculos mucho más precisos de cuándo ocurrió determinado suceso. En períodos más recientes (<10 000 años) podemos precisar la antigüedad reduciéndola hasta generaciones específicas. Podemos datar cualquier cosa que vivió en el pasado utilizando el radiocarbono, pero otras técnicas nos permiten, además, datar muestras inorgánicas. Es posible datar granos aislados de cuarzo y feldespato con métodos capaces de traducir a cálculos temporales las cantidades de radiactividad acumuladas durante milenios en sus estructuras cristalinas. Veremos que los isótopos de uranio y torio pueden igualmente proporcionar información cronométrica que nos ayude a datar dientes y huesos, así como la acumulación de carbonato de calcio en pinturas rupestres.

El análisis y la medición de los isótopos de carbono, nitrógeno, estroncio, oxígeno, azufre y otros elementos puede decirnos las clases de comida que ingerían personas y animales, y las temperaturas y climas cambiantes en los que transcurrió su existencia. En el capítulo 2 veremos cómo esto nos ha ayudado a descifrar detalles muy precisos sobre la vida y la dieta de los neandertales. Podemos averiguar cuándo alguien empezó y dejó de comer diferentes clases de alimentos; cuándo se trasladó de un lugar a otro para vivir; y cuándo y hasta qué punto se vio afectado por la contaminación medioambiental. [1] Podemos determinar cuándo se interrumpió la lactancia de un infante basándonos en los cambios operados en las señales elementales e isotópicas de sus dientes de leche. [2] Podemos identificar períodos de desgaste mi-

diendo la presencia de estrías en el esmalte dental; así, por ejemplo, en el yacimiento de Payre en el Ardèche, en Francia, un diente de neandertal reveló una semana de desgaste a los 701 días de edad que se produjo en los períodos más fríos del invierno. [3]

La placa dental antigua nos habla de la dieta y las bacterias que colonizaban las bocas de los humanos prehistóricos, lo que se denomina «microbioma». Este contiene un archivo de las enfermedades, infecciones, bacterias, virus y vicisitudes de la vida cotidiana, que puede analizarse utilizando ADN, un microscopio de alta resolución y una ciencia nueva llamada «proteómica». Las tomografías computarizadas se emplean en los hospitales para evaluar la salud del paciente, pero también pueden usarse para examinar dientes y huesos antiguos, y determinar la edad, aspectos sanitarios y períodos de desgaste en épocas remotas. En el capítulo 5 describiré cómo los científicos utilizaron tomografías computarizadas para explorar la densidad ósea de un minúsculo fragmento de una falange denisovana, pudiendo así establecer que procedía de la mano derecha de una muchacha de trece años y medio. El análisis morfogeométrico puede aplicarse a los cráneos de animales y personas para comparar las diferencias morfológicas y determinar cambios sutiles entre ellos, trazándolas en distintas dimensiones para medir la afinidad. La modelización en 3D nos permite visualizar estas formas y moverlas en el espacio virtual, como veremos en el capítulo 15 al estudiar hasta qué punto nuestros cráneos modernos portan la influencia genética de los neandertales.

Ahora se habla de construir «historias vitales» a partir de restos humanos fragmentarios porque, empleando métodos científicos como estos, podemos averiguar mucho acerca de cuándo, dónde y cómo vivían las personas del pasado.

Los métodos científicos nos ayudan también a estudiar los materiales excavados. La geoquímica permite localizar los lugares de donde se extrajeron rocas y piedras antes de convertirlas en útiles líticos. Podemos establecer la distancia que tuvieron que recorrer los humanos para extraer dichas rocas, o para intercambiarlas por otras. Usamos análisis morfológicos computarizados para estudiar las distintas herramientas líticas y clasificarlas mediante complejos paquetes estadísticos.

Los débiles vestigios de marcas de corte dejadas por los humanos al procesar articulaciones y carcasas pueden estudiarse con microscopios electrónicos de alta resolución. En el capítulo 8 se mostrará la importancia de esta técnica cuando intentemos construir una cronología del yacimiento de Denísova y determinar cuándo habitaron los humanos la cueva.

Utilizando drones, satélites y LIDAR (detección y medición de distancias con la luz, es decir, el empleo de láseres para escanear la superficie de la Tierra en 3D), podemos mirar a través de la cubierta forestal y cartografiar yacimientos y paisajes antiguos desde las alturas. Hoy se habla de «arqueología digital» o «ciberarqueología» para describir estos métodos de estudio del pasado. El cartografiado geofísico, usando un radar para penetrar en el suelo e imágenes mag-

néticas, permite incluso sondear la tierra bajo nuestros pies en busca de anomalías indicativas de la existencia de elementos arqueológicos que puedan excavarse con posterioridad.

Los especialistas de los equipos arqueológicos trabajan identificando huesos animales, restos botánicos, esporas de polen, sedimentos, biomarcadores fecales, residuos orgánicos, etc., para reconstruir la adaptación humana y los climas y medios cambiantes del pasado. Los análisis de ADN antiguo nos permiten rastrear la mezcla e introgresión genética entre poblaciones, el parentesco entre las personas enterradas en un cementerio y su historia poblacional; incluso parece ser una manera de reconstruir la apariencia física de una persona basándose en los llamados patrones «epigenéticos» de los genes que portamos, como se abordará en el capítulo 6. Casi no hay límite para las aplicaciones imaginativas de la ciencia al estudio del pasado. Tan comunes son hoy los descubrimientos en el laboratorio como en la punta de una paleta en una excavación. Con el presente libro espero transmitir parte de la emoción de los descubrimientos más recientes en este campo desde la perspectiva de las personas que realizan el trabajo, ya sea en un yacimiento o en un laboratorio.

Pero nada de esto sería posible sin el trabajo meticuloso de equipos como los de la cueva de Denísova. En arqueología, el *contexto* lo es todo. Conocer las ubicaciones precisas de las distintas piezas recuperadas es fundamental para situar el trabajo posterior a la excavación en su justa perspectiva y encajar las piezas del rompecabezas del pasado, que nunca estará completo. Y aquí es donde empieza la arqueolo-

gía: en el proceso de excavación. Sin arqueología y excavación no sería posible el estudio científico de los restos materiales procedentes de los yacimientos; por suerte, hay muchos y excelentes equipos arqueológicos trabajando por todo el mundo en períodos temporales que van desde la edad moderna hasta el comienzo del linaje humano.

Como es natural, toda historia debe empezar por el principio, y en el caso de todos los humanos actuales, nuestra historia empieza en África.

Capítulo 1

Salida de África

La idea del origen africano de la humanidad se remonta a Charles Darwin, quien vaticinó que para encontrar a los antepasados de los humanos deberíamos explorar aquellos lugares donde habitan nuestros parientes vivos más cercanos, los grandes simios. Sin embargo, no fue hasta la década de 1920 cuando los paleoantropólogos empezaron a ser conscientes del registro hominino fósil de África. En 1921 unos mineros descubrieron un cráneo antiguo en un lugar llamado Broken Hill (hoy Kabwe) en Zambia. El cráneo fue donado al Museo Británico de Londres, donde lo identificaron como una especie nueva y antigua llamada *Homo rhodesiensis*. Poco después, en 1924, Raymond Dart encontró el minúsculo cráneo conservado de un *Australopithecus africanus* de dos millones de años —el famoso Niño Taung— en Sudáfrica (aunque varios estudiosos no reconocieron inicialmente su importancia). Desde entonces, el registro fósil de nuestro género, *Homo*, y de otros parientes homininos, se ha incrementado notablemente. Ahora sabemos que nuestro género surgió hace unos 2,5 millones de años en África, y que miem-

bros posteriores de *Homo,* entre ellos el *Homo sapiens,* evolucionaron después en el mismo continente.

La idea de la primacía de África en nuestra historia se instaló poco a poco entre la comunidad científica en las décadas de 1970 y 1980, a medida que se aplicaron métodos cada vez más cuantitativos para el estudio de restos craneales del *Homo sapiens* y nuestros parientes cercanos.[1] Investigadores como Chris Stringer del Museo de Historia Natural de Londres acuñaron el término «Origen Africano Reciente» (o «Salida de África 2») para describir un modelo que explicaba el origen reciente de todas las personas fuera de ese continente y la primera aparición de humanos modernos en África. Como se deduce del nombre, aquella no fue la primera vez que nuestros antepasados salían de África. Salida de África 1 designa la dispersión de un grupo anterior de humanos, *Homo erectus*, hasta Eurasia hace unos 1,6 millones de años. Aunque de cuello para abajo se parecían mucho a nosotros, el tamaño de su cerebro era mucho más reducido: entre 650 y 800 cm^3 en los individuos más antiguos. En una irradiación insólita y muy exitosa, se expandieron hasta el archipiélago malayo, donde encontramos restos suyos de hace 1,5 millones de años.

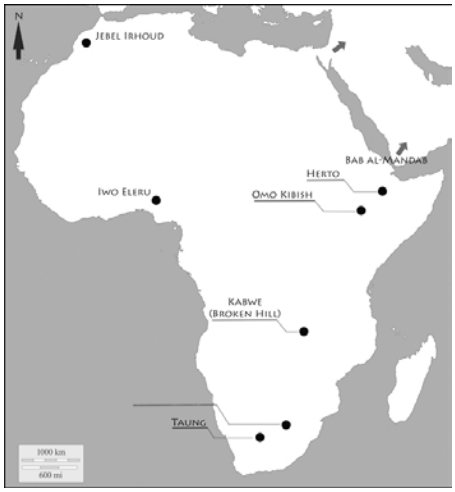


Figura 1. Yacimientos del continente africano con sus localizaciones geográficas.

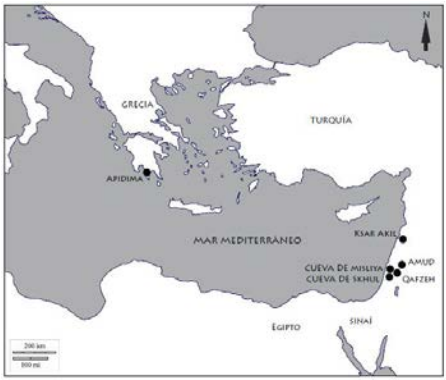


Figura 2. Yacimientos mediterráneos con sus localizaciones geográficas.

Es probable que se produjeran otras salidas poblacionales desde África en diferentes momentos. Los neandertales y nosotros mismos, por ejemplo, compartimos un antepasado común; no se sabe con certeza quién era, pero probablemente era africano y, basándonos en cálculos genéticos,[2] data de hace por lo menos 530 000 años.

Otros investigadores establecieron modelos alternativos para explicar los patrones del registro fósil. El modelo multi-

rregional postulaba que los humanos modernos aparecieron en diferentes regiones del mundo tras la dispersión del *Homo erectus* hasta Eurasia.[3] Después se discutió si había ocurrido un cruzamiento con flujo genético periódico entre los grupos, llegándose a la conclusión de que no se produjo una separación completa entre estas poblaciones regionales y que los humanos, en términos generales, evolucionaron en paralelo.

Pero la teoría del origen africano de toda la humanidad quedó rotundamente confirmada en un histórico trabajo publicado en la revista científica *Nature* en 1987. Los autores[4] analizaron 147 genomas mitocondriales de grupos humanos modernos y descubrieron que la mayor diversidad genética se daba en África. La evidencia venía a confirmar un modelo según el cual África era el origen más probable del acervo génico mitocondrial humano.[5] Conforme nos alejamos de África, disminuye también la diversidad genética medida en diferentes poblaciones humanas, con una alta correlación lineal en la región del 90 por ciento. He aquí un ejemplo del clásico «efecto fundador serial» en biología. Cuando se desgajan grupos más pequeños y colonizan lugares nuevos, se deduce que debe producirse una reducción de la diversidad genética, generalmente en el sentido de una disminución de los miembros fundadores de nuevas colonias.[6] Las excavaciones arqueológicas y el descubrimiento de restos fósiles humanos, junto con la aplicación de nuevas técnicas de datación, han confirmado que la datación más antigua de humanos modernos debe situarse en África.

Curiosamente, esta tesis nos la corrobora también la historia evolutiva de otros organismos que acompañan a los humanos en sus desplazamientos, los llamados comensales humanos. Las bacterias constituyen un buen ejemplo, porque también presentan la misma disparidad en cuanto a diversidad genética entre sus formas africanas (más diversidad) y no africanas (menos diversidad). Tomemos el caso de *Helicobacter pylori*, la bacteria estomacal que provoca úlceras y cáncer gástrico. Cuando trazamos la diversidad genética de esta bacteria, vemos un árbol filogenético similar al de los humanos, con África en posición basal con respecto a todos los demás lugares. [7] Esto sugiere que cuando las personas se marcharon de África, ya estaban infectadas con *H. pylori*. Un grupo pequeño e incipiente de humanos llevó consigo una bacteria con menos variación genética que la de la población africana huésped y sometida al mismo efecto de fundación serial que sus huéspedes humanos, que la transportaron cada vez más lejos de África. [8]

¿Qué aspecto tenían estos primeros humanos? ¿Eran idénticos a nosotros? ¿Y en qué momento preciso aparecen en el registro fósil?

Quizá deberíamos definir primero qué entendemos por «humano moderno». La mayoría de los paleoantropólogos coinciden en que nos caracteriza una cara pequeña, la presencia de una barbilla y una caja craneal de forma más «globular» que la de otros homininos del registro fósil. Un cráneo más grande es otro rasgo distintivo; durante el largo decurso de la evolución humana vemos un crecimiento continuo de la capacidad craneal. Además, parece haber una re-

ducción del prognatismo, término que designa la protuberancia de la mandíbula y el «morro».

Como cabe suponer, establecer el momento preciso en que estas características quedaron fijadas en nosotros y los primeros humanos adquirieron apariencia «moderna» es una tarea sumamente difícil por la fragmentariedad del registro fósil. Cuando observamos a nuestros congéneres actuales, vemos diversidad y variación: diversidad en la complexión, en el color de la piel y la forma del cráneo, así como en sus culturas y lenguas, naturalmente. Pues en el pasado ocurría lo mismo; se aprecia un alto grado de variación morfológica entre los restos humanos pertenecientes al período que empieza hace unos 300 000 años. [9]

Jebel Irhoud, en Marruecos, es un yacimiento particularmente importante para el rastreo de los orígenes humanos. En 1961, unos mineros que extraían barita encontraron un cráneo humano en magnífico estado de conservación. Después, en el 2004, nuevas excavaciones sacaron a la luz los restos de cinco individuos. La población de Jebel Irhoud tenía cabezas grandes y alargadas en vez de cajas craneales globulares, con caras cortas retraídas por debajo. [10] Nuevas dataciones realizadas cerca de los restos humanos indicaron una edad aproximada de 300 000 años, [11] mucho más antiguos de lo esperable. Jebel Irhoud, a lo que parece, representa una de las evidencias más antiguas de que nuestra especie había tomado la senda que la llevaría a convertirse anatómicamente en nosotros. Por esta razón, los investigadores suelen denominar a estos sujetos «Homo sapiens arcaicos» en vez de humanos anatómicamente modernos.

Figura 3. El primero de nuestra especie. Los fósiles más antiguos conocidos de *Homo sapiens*, procedentes del yacimiento de Jebel Irhoud. Estas imágenes son composiciones digitales obtenidas mediante microtomografía computarizada de varios fósiles humanos. Esta cara de aspecto moderno se corresponde con el rango de variaciones que se aprecian en los humanos actuales; pero en la cavidad craneana (sombreada en la imagen de la derecha) se advierten rasgos arcaicos que sugieren que el cerebro aún no había adquirido la forma que presenta en los humanos modernos.

Otros restos fósiles importantes, con datación algo posterior, proceden de Etiopía. En 1967, en dos yacimientos del valle del río Omo, el paleoantropólogo Richard Leakey encontró dos cráneos parciales en la formación geológica de Kibish, a los que posteriormente se atribuyó una antigüedad de 195 000 años. [12] Presentaban cajas craneanas grandes, arcos superciliares reducidos y, como nosotros, cráneos más anchos en torno a las sienes con ligeras diferencias entre sí. Al noreste de Omo Kibish, en el valle del Awash, el equipo de Tim White descubrió en 1997 otros tres cráneos humanos bien conservados en el yacimiento de Herto. Los restos revelaron una apariencia más moderna, pero también diferencias y variaciones sutiles. Su datación es algo posterior, hace unos 150 000 años, [13] y algunos los sitúan en una posición intermedia entre formas más arcaicas de *Homo* en África, como los especímenes de Jebel Irhoud, y los humanos moder-

nos: «Una población que se halla en las puertas de la modernidad anatómica sin ser todavía plenamente moderna». [14]

Estos fósiles fundamentales, y otros similares, demuestran que, aunque los humanos africanos siguen una trayectoria evolutiva que los conduce hacia las poblaciones modernas, esta trayectoria no parece haber sido ni lineal ni rápida, sino que se ha caracterizado por la variabilidad. En general, vemos un mosaico de evidencias procedentes de distintas partes de África, tanto en la apariencia de los humanos como en su cultura material, que conforma un cuadro multirregional heterogéneo. Esto dificulta mucho determinar el momento preciso en que nuestros fenotipos —nuestra apariencia exterior— quedaron fijados. Los estudiosos apuntan a que probablemente hubo fases de aislamiento y evolución independiente en diferentes regiones africanas, con cruzamientos y contactos periódicos, y que después, en algún momento datable hace entre 100 000 y 150 000 años, surgió una población o poblaciones de *Homo sapiens* con una apariencia relativamente moderna.

Las evidencias aportadas por los útiles líticos en toda África demuestran que desde hace aproximadamente unos 300 000 años también se estaba produciendo un cambio cultural. Más o menos por la misma época en que aparecen las personas de Jebel Irhoud, se vuelven mucho más raras las hachas de mano que habían dominado el inventario de útiles líticos un millón de años antes, o incluso desde más atrás. En su lugar encontramos herramientas líticas fabricadas dando forma a láminas extraídas de un núcleo grande que antes habían sido desechadas. Este período se conoce como Edad de

Piedra Media, o MSA, y comienza en toda África casi al mismo tiempo. Los arqueólogos aprecian ligeras diferencias regionales en los útiles líticos, conforme los humanos ideaban y ensayaban técnicas nuevas para su fabricación. Después, a medida que avanzamos en el registro arqueológico, vemos una mayor complejidad, una ampliación de los materiales con la inclusión de huesos y madera, la aparición de hojas y laminillas más pequeñas, el uso del enmangue, las marcas grabadas en cáscaras de huevo y en ocre, y los ornamentos elaborados con conchas. En estos cambios operados en la cultura material subyace con casi total certeza un desarrollo cognitivo. [15]

También ha resultado difícil identificar al grupo o la subpoblación concreta dentro de África que acabaría convirtiéndose en el ancestro de todos los humanos fuera de ese continente, y es poco probable que lleguemos a saber quiénes fueron. Una vez más parece verosímil que se produjera flujo genético, movimientos poblacionales y mezclas entre grupos por amplias zonas de África a lo largo del tiempo. Como veremos en repetidas ocasiones a lo largo de este libro, el panorama se complica aún más por la alta probabilidad de que esta diversidad de grupos humanos se magnificara por la presencia de otros *tipos* de humanos en África. Nosotros, *Homo sapiens,* no estábamos solos en el continente.

Esto quedó contrastado en octubre del 2013 en una cueva del yacimiento Cuna de la Humanidad en Gauteng (Sudáfrica). Un equipo de arqueólogos dirigido por Lee Berger halló restos humanos en uno de los yacimientos fosilíferos más ricos jamás localizado. Los espeleólogos habían identificado

previamente la llamada cámara Dinaledi en la cueva Rising Star y alertado a Berger. El acceso es extremadamente difícil. En dos puntos situados entre la cámara y el exterior uno tiene que apretujarse para poder pasar por pequeñas aberturas. Una de estas es el llamado «arrastre de Superman», porque solo se puede atravesar alargando un brazo por delante del cuerpo para impulsarse. Pero la mayor dificultad viene después, cuando es preciso encogerse para atravesar un agujero de 18 cm de diámetro. Como cabe suponer, solo las personas sumamente delgadas pueden llegar hasta la cámara. El equipo se vio obligado a recurrir a seis flexibles arqueólogas para que realizaran la excavación. Estas «astronautas subterráneas», como se dieron en llamar, pasaban horas excavando todos los días. Sus esfuerzos valieron la pena: en noviembre de aquel año se recuperaron más de 1500 restos humanos, y otros 1700 huesos a principios del 2014. De los 206 huesos que componen el cuerpo humano, solo faltaban veinte en los restos de la cámara Dinaledi. [16] Los huesos pertenecen a una docena de individuos de una especie hominina primitiva con una estatura aproximada de 1,5 m, un peso de 40-55 kg y un cerebro pequeño: de entre 460 y 560 cm^3. [17] Los restos presentan un mosaico de rasgos, algunos semejantes a *Homo,* otros parecidos a los muy anteriores australopitecos. Los cráneos se parecen a los primeros restos de *Homo*, y por este motivo los hallazgos han sido adscritos a ese género y se les ha dado el nombre de *Homo naledi* (*naledi* significa «estrella» en la lengua soto de la zona).

Figura 4. Plano de la cueva Rising Star, con el lugar donde se encontraron los restos esqueléticos del *Homo naledi*.

La datación de la cueva y su contenido fue al principio un misterio, y muchos llegaron a calcular una edad de varios millones de años, pero trabajos posteriores han sugerido una fecha sorprendentemente reciente: hace entre 236 000 y 335 000 años. [18] Esto significa que nuestros primeros antepasados *Homo sapiens*, con certeza casi absoluta, coincidieron con el *Homo naledi* en África.

Es bastante posible que existan otros supervivientes tardíos de la familia humana en ciertas partes de África que todavía no han sido descubiertos por los arqueólogos. En el 2020 unos científicos informaron del hallazgo de ADN en poblaciones africanas modernas que no pudieron secuenciarse hasta ningún otro genoma humano conocido. Esto se toma como la posible evidencia de una población «fantasma» que debió de vivir en África hace decenas o cientos de miles de años. [19] (Tendremos noticia más adelante sobre otras supuestas poblaciones «fantasma» cuando abordemos la cuestión de los últimos *Homo erectus* en el sureste asiático.) El enigmático esqueleto de Iwo Eleru es otro caso interesante y difícil de explicar. Descubiertos en una cueva de Nigeria suroccidental en 1965, [20] estos restos esqueléticos, entre los que figuran partes bien conservadas del cráneo, se distinguen de

formas craneales africanas recientes y, una vez comparados, se sitúan en un punto intermedio entre los humanos modernos por un lado y los neandertales y el *Homo erectus* por el otro. Una vez más, la antigüedad que se les calcula sorprende por lo reciente: entre 11 000 y 16 000 años. La escasez de otros restos humanos fósiles en África occidental dificulta la ubicación de este espécimen en un contexto más amplio, y cabe esperar que nuevos trabajos de campo en esta región clave arrojen más luz sobre estas cuestiones. En el 2020 se realizó una datación directa del enigmático cráneo de Kabwe descubierto en Zambia en 1921. A este espécimen se le ha vinculado con un hominino llamado *Homo heidelbergensis*, uno de los posibles antepasados nuestros y de los neandertales. Arrojó una antigüedad de 299 000 ± 25 000 AP (antes del presente), de lo que se deduce que coincide en antigüedad con los primeros *Homo sapiens* y *Homo naledi*, [21] y por tanto quizá no se halle en nuestra línea evolutiva directa. Esto implica que tal vez coexistieron más de tres grupos humanos en África hace 200 000-300 000 años.

Recuerdo cuando estudiaba la evolución humana en la década de 1980, tan simple y lineal por aquel entonces; ahora la historia es mucho más complicada, e infinitamente más interesante y desconcertante.

Pese a que sabemos que nuestro origen primigenio se sitúa en África, queda mucho menos claro cuándo y por qué se marcharon los antepasados de quienes viven hoy fuera de África. Circulan todo tipo de especulaciones sobre este pun-

to, pero pueden extraerse muchas evidencias de registros arqueológicos, genéticos y paleoambientales. Se han planteado dos hipótesis principales sobre cuándo se produjo la Salida de África 2. La primera, y más comúnmente aceptada, postula que ocurrió hace unos 50 000-60 000 años. [22] Algunos partidarios de esta teoría sostienen que por aquella época a los humanos debió de sucederles algo, quizá relacionado con cambios cognitivos, que supuso una ventaja para los humanos modernos y les permitió expandirse más allá de su rango africano. [23] La evidencia de la salida en aquel período se basa en una combinación de yacimientos arqueológicos datados y en cálculos de antigüedad de árboles de ADN mitocondrial de un haplogrupo llamado L3. [24] Este haplogrupo se encuentra muy extendido por el África subsahariana y también en todos los no africanos antiguos, lo que sugiere que podría representar a un grupo ancestral que salió de África. [25] Los cálculos de edad para este grupo han convergido en hace unos 60 000-70 000 años. Los críticos sostienen que esta teoría asume que la historia demográfica de la humanidad ha sido arborescente, con escaso o nulo flujo genético. [26] Sabemos, no obstante, que Australia fue poblada más o menos por la misma época, y que esta fecha se ha interpretado como la antigüedad mínima para la expansión de los humanos desde África, puesto que tuvo que haberse producido antes de esa datación. Otros trabajos recientes han propuesto para la colonización australiana una datación que tal vez se remonte a hace 59 000-65 000 años [27] (abundaremos sobre esto en el capítulo 12).

El segundo supuesto para la Salida de África 2 propone un éxodo muy anterior de humanos modernos, acaso hace 120 000-130 000 años o incluso más. Existe evidencia de ocupación poblacional en Oriente Próximo durante este período en yacimientos cavernarios como Qafzeh y Skhul en Israel. Curiosamente, parece que después, hace unos 60 000-70 000 años, estas poblaciones desaparecieron de la región y fueron reemplazadas por neandertales, como se comprueba en otros yacimientos cercanos como Amud. Los análisis de las industrias líticas sugieren posibles conexiones entre los útiles líticos de África oriental y los de más al norte, incluido el Levante, hace unos 120 000 años, [28] lo que implica una posible relación en la cultura material cuando se produjo la salida de África.

En el resto de Eurasia la evidencia de presencia humana muy temprana queda algo menos clara y suscita un poco más de controversia. En China, por ejemplo, ha causado revuelo el yacimiento de la cueva de Fuyan en la provincia de Hunan, donde la datación de 47 dientes ha arrojado más de 85 000 años de antigüedad. [29] Los dientes se han datado a partir de una capa de carbonato que al parecer los recubría; no se han datado los dientes propiamente dichos. Creo necesario efectuar dataciones directas de estos dientes, así que debemos ser cautos con respecto a si realmente son tan antiguos como se afirma. En mi laboratorio intentamos datar huesos del yacimiento de Fuyan, pero no quedaban restos de proteínas y fracasamos en el empeño. La datación directa, por tanto, deberá realizarse con otro método.

Existen otros yacimientos en Eurasia oriental que también contienen evidencia de humanos, pero en la mayoría de los casos no está claro si se trata de formas arcaicas de *Homo sapiens*, de humanos modernos o de algo distinto. La imagen se emborrona por las dificultades de la datación, la complicación de extraer ADN de restos humanos en medios cálidos y tropicales y la fragmentación y el mal estado de muchos fósiles. Lo que suele faltar es la prueba fehaciente: un humano moderno inequívocamente datado que proceda de un contexto arqueológico fiable.

Sin embargo, nuevas evidencias arqueológicas obtenidas en Eurasia occidental sugieren que los primeros *Homo sapiens* salieron de África en períodos muy tempranos; pero, una vez más, casi todo depende de la fiabilidad de la datación.

En el 2019 se publicó el reanálisis del material de un yacimiento arqueológico griego de la península de Mani, en el Peloponeso. En la cueva de Apidima, excavada en la década de 1970, se había descubierto un cráneo parcial fosilizado, Apidima 1, que después fue trasladado a Atenas para guardarlo en lugar seguro. Lamentablemente, el conservador responsable del espécimen prohibió que se estudiara, y allí se quedó durante más de cuarenta años hasta que Katerina Harvati y sus colegas de la Universidad de Tubinga obtuvieron, por fin, permiso para empezar a trabajar con él. [30] Empleando las técnicas más modernas de tomografía computarizada, el equipo analizó la parte posterior del cráneo, de la que creó modelos en 3D. Se demostró que el hallazgo guardaba más similitud con la morfología craneal de otros *Homo*

sapiens que con la de los neandertales. La datación del espécimen por series de uranio demostró que tenía *por lo menos* 210 000 años. [31] La fragmentariedad del cráneo nos obliga a ser prudentes a la hora de afirmar que pertenece a *Homo sapiens*, y habrá que esperar a que nuevas evidencias confirmen esta teoría. Sin embargo, lo más interesante de Apidima 1 fue que cerca apareció un segundo cráneo, Apidima 2, que a juicio del equipo encajaba en una morfología de tipo neandertal; era además algo más joven, más de 170 000 años. Por tanto, las evidencias apuntan a que hubo dos grupos de homininos en la región, aunque en épocas diferentes.

Otro yacimiento de Israel, la cueva de Misliya, ha proporcionado también pruebas de la presencia de *Homo sapiens* muy tempranos fuera de África. [32] El yacimiento se encuentra en el monte Carmelo, que está salpicado de importantes yacimientos cavernarios y ha sido escenario de investigaciones arqueológicas durante décadas. En el 2002 se descubrió en Misliya un maxilar con dientes asociados. Los métodos de datación sugieren que el espécimen tiene entre 177 000 y 194 000 años: notablemente más antiguo, también en este caso, que cualquiera de las dos dataciones predominantes de la expansión humana hasta Eurasia.

Todo parece indicar, entonces, que se produjeron al menos dos desplazamientos de *Homo sapiens* fuera de África, hace entre 60 000 y más de 160 000 años. Es bastante probable que se produjeran también otros desplazamientos, que futuros trabajos arqueológicos podrán confirmar.

Parece que los humanos modernos pudieron tomar dos caminos para salir de África, y uno de ellos es la península del Sinaí. En unos pocos días se puede atravesar el Sinaí hasta el Levante, la región que comprende aproximadamente la moderna Palestina, el Líbano, Jordania, Siria e Israel. Aunque nos imaginamos al Levante como parte de Asia, en términos biogeográficos constituye una prolongación del África septentrional. Es interesante recordar que una amplia variedad de animales africanos o afroarábigos poblaron esta región hasta épocas relativamente cercanas. Una investigación en la que participé ha hallado evidencias bastante recientes de la presencia de hienas, leopardos, leones, camellos, cebras y gacelas en cuevas israelíes, y por tanto no debería sorprender que encontremos también humanos modernos tempranos en la región, porque si los animales pudieron salir, se deduce que los humanos también. He observado con frecuencia que un indicador fiable de habitación humana es la presencia de sus presas; los humanos suelen instalarse en lugares donde puedan cobrar piezas de caza, bien sea siguiéndolas o tendiéndoles emboscadas en rutas migratorias.

Una segunda ruta de salida de África, a la que la comunidad científica le ha prestado mucha atención últimamente, es el estrecho de Bab el-Mandeb, en el extremo sur de la península arábiga.[33] Este estrecho habría tenido una anchura de 5-15 km en períodos con bajos niveles del mar, y por tanto habría sido necesario cruzarlo por vía marítima. Al otro lado del estrecho se divisa la costa, así que los grupos humanos tenían constancia de la proximidad de otras tierras. Tras recientes trabajos llevados a cabo en Arabia se ha demostrado

que, lejos de ser el desierto seco que concibe la imaginación popular, la región conoció períodos «verdes» durante los últimos 150 000 años, con lagos y ríos que se formaron a medida que los ciclos climáticos influidos por el monzón se desplazaron hacia el norte. [34] El análisis de imágenes por satélite ha revelado la existencia de ríos antiguos y paleolagos en la península arábiga, [35] confirmada por prospecciones de suelos y excavaciones posteriores. Todo parece indicar que tanto humanos como animales atravesaron estas regiones en épocas remotas. En el gran desierto del Sáhara ocurrió algo similar. La presencia de cocodrilos del Nilo en los oasis del desierto y el hallazgo de plantas del África subsahariana y de peces en el extremo norte de África demuestran que en el pasado unos climas más lluviosos abrieron estos entornos naturales hoy desolados a los desplazamientos de animales y humanos. Los arqueólogos han descubierto huesos de hipopótamos, jirafas, elefantes, ranas y leones en desiertos hoy yermos y abrasados. El registro del arte rupestre de yacimientos del Holoceno en el norte de África confirma que estas condiciones de mayor humedad perduraron hasta época reciente, pues aparecen representados animales que precisan fuentes hídricas considerables, que ya no existen. Es como si los artistas estuvieran enviándonos un mensaje para decirnos lo diferente que era entonces la vida en estas regiones.

Nuevos trabajos arqueológicos han demostrado que los humanos se hallaban presentes en la península arábiga hace 85 000 años, mucho antes de los ortodoxos 50 000-60 000 que predijo el modelo Salida de África. [36] El estrecho de Bab el-Mandeb pudo haber sido el punto desde donde los humanos

cruzaron hasta la península arábiga, que después atravesaron para dirigirse hacia Eurasia occidental y oriental.

¿Cómo podemos determinar cuál de estos dos caminos alternativos, el Sinaí o Bab el-Mandeb, era más probable? La ciencia del clima ha experimentado avances sustanciales en las dos últimas décadas conforme los científicos intentan reconstruir los climas globales del pasado para predecir cómo se comportará el clima de la Tierra en el futuro. Los Modelos de Circulación General (GCM) son modelos numéricos que pretenden explicar el sistema climático de la Tierra, y se están usando cada vez más para intentar reconstruir con mayor precisión los climas del pasado más remoto. Los investigadores han explorado las vías de salida óptimas para los desplazamientos desde África, centrándose en uno de los indicadores clave: las precipitaciones. Los grupos de cazadores-recolectores no pueden prosperar en hábitats con precipitaciones inferiores a 90 mm por año; su supervivencia resulta imposible. Las reconstrucciones climáticas demuestran que hace entre 200 000 y 250 000 años, y nuevamente hace unos 130 000, la ruta del Sinaí era practicable porque los niveles de precipitaciones reconstruidos eran muy superiores a estas cifras, pero que la ruta de Bab el-Mandeb fue practicable durante períodos mucho más largos en los últimos 300 000 años. Después de hace 65 000 años la ruta sur permaneció abierta durante más de 30 000 años. [37] Entiendo que esta evidencia corrobora la idea de que probablemente se usaron ambos caminos, pero quizá en épocas distintas, si es que se otorga credibilidad a la evidencia climática.

Si se produjeron éxodos tempranos en aquella época que han quedado confirmados por los humanos de Apidima en Grecia y los de yacimientos como la cueva de Misliya en Israel, ¿qué ocurrió con aquellos grupos pioneros? ¿Se habrían encontrado los humanos modernos que salieron después de África con los que ya llevaban milenios fuera del continente?

De manera parecida al caso de Israel que mencionamos antes, es posible que la mayoría de estas dispersiones tempranas acabaran fracasando, y de hecho así parecen indicarlo ahora algunas de las evidencias genéticas. Los grandes estudios genéticos con secuencias de ADN nuclear de humanos modernos demuestran que, en contraste con los cálculos de 50 000-60 000 años, la diáspora muy temprana de hace 120 000-130 000 años no se sustenta con tanta solidez. Esto podría deberse sencillamente a que aquellos pioneros no hicieron aportaciones genéticas significativas a los grupos humanos posteriores. [38] Dos equipos, sin embargo, han hallado indicios de una pequeña contribución genética (2 por ciento) de una diáspora aparentemente anterior en genomas papúes modernos. [39] - [40] Además, existe cierta evidencia de ADN humano moderno en un neandertal de la cueva de Denísova. Los investigadores han demostrado que algunos segmentos de ADN del llamado «neandertal de Altái» (Denísova 5) proceden de un humano moderno más próximo a los africanos modernos. Se calcula que esta introgresión genética ocurrió hace unos 100 000 años, [41] y es posible que sucediera en Oriente Próximo, donde ya tenemos evidencias de la presencia de *Homo sapiens* tempranos, o bien que proviniera de humanos que se trasladaron a regiones más orientales de Eura-

sia; actualmente es imposible saberlo con certeza. Los grupos que llegaron hasta lugares como Apidima pudieron sencillamente extinguirse sin dejar ningún registro posterior, excepto una pequeña proporción de ADN enterrado en lo más profundo de nuestros genes y hoy solo recuperable utilizando potentes herramientas estadísticas.

¿Por qué se produjeron estas migraciones desde África? Pueden darse varias razones relacionadas entre sí, algunas de las cuales invitan a la especulación porque giran en torno a motivaciones, deseos y acciones humanas que nunca podremos conocer o reconstruir. Sospecho que el tamaño de las poblaciones pudo ser un factor. Los grupos son más numerosos entre los cazadores-recolectores de los trópicos, si se comparan con las regiones templadas del mundo. Conforme los grupos crecen, se incrementan también las posibilidades de que se dividan y de que un subgrupo se marche. [42] Se necesitan mayores extensiones de tierra para sobrevivir, lo que da como resultado la expansión. Es probable que el cambio del clima y la tendencia de los humanos a seguir la caza desempeñen también un papel. Los cambios climáticos que traen condiciones de mayor pluviosidad convierten en atractivas zonas que antes quedaban marginadas, y sucede lo inverso cuando el clima se vuelve más seco. Esto puede influir en que los grupos humanos se desplacen y respondan a factores de «expulsión» y «atracción». Durante tales períodos de condiciones climáticas adversas las poblaciones pueden fragmentarse. El cambio del clima es el trasfondo constante de los albores de la historia humana.

Los humanos que se marcharon de África, con independencia de cuándo lo hicieran, tuvieron que adaptarse a nuevos y muy variados medios, desde el frío intenso de la Edad de Hielo, los desiertos y paisajes semiáridos de Asia central, las condiciones más templadas y húmedas de las pluvisilvas tropicales hasta, por último, la más formidable de las barreras: el mar abierto. Sabemos mucho más sobre la adaptación de los humanos a climas más fríos porque la inmensa mayoría de las excavaciones se han centrado en las zonas templadas de Eurasia. No fue hasta época relativamente reciente cuando los científicos se dedicaron a estudiar las espesas pluvisilvas tropicales, que los humanos debieron de haber atravesado para llegar a lugares como Australia. Esto habría exigido nuevas maneras de adaptación a entornos desconocidos y sortear grandes dificultades para sobrevivir.

En el 2003 estaba trabajando en la Gran Cueva de Niah, en las pluvisilvas tropicales de la isla de Borneo, como miembro de un equipo coordinado por Graeme Barker de la Universidad de Cambridge. El yacimiento de Niah se encuentra en la boca de un impresionante sistema cavernario que forma parte de un enorme macizo calizo, el Gunung Subis, a unos 15 km de las actuales costas del mar de China Meridional. Fue descubierto en la década de 1950 por el extraordinario Tom Harrisson, que estuvo excavando allí con su esposa Barbara en las décadas de 1950 y 1960.

Tom Harrisson es lo más parecido a un Indiana Jones de carne y hueso que se puede encontrar en la arqueología. Durante la Segunda Guerra Mundial participó en el empeño bélico de Gran Bretaña y la Commonwealth trabajando tras las

líneas enemigas en las junglas de Malasia, donde coordinó a los cazadores de cabezas dayaks, armados con letales cerbatanas, para neutralizar a las fuerzas de ocupación japonesas; más de 1500 soldados murieron o fueron capturados. Después se convirtió en conservador del Museo Sarawak de Kuching y ejerció una labor pionera en la protección de orangutanes y de tortugas amenazadas de extinción. [43]

En febrero de 1958 los Harrisson realizaron su descubrimiento más famoso: el cráneo de un humano anatómicamente moderno, el llamado «Cráneo Profundo». Yo trabajé en la datación del cráneo y de los sedimentos arqueológicos excavados. Descubrimos que el Cráneo Profundo tenía 42 000-44 000 años, lo que lo convierte en uno de los restos más antiguos de *Homo sapiens* fuera de África. El equipo de Niah pretendía averiguar cómo habían conseguido los humanos colonizar con éxito el bioma de la pluvisilva. ¿De qué manera sobrevivieron y se adaptaron estos primeros humanos? Los fragmentos microscópicos de carbón vegetal, polen y almidones de los sedimentos de la cueva revelaron que estos grupos tuvieron que adaptarse no solo a bosques tropicales lluviosos de tierras bajas, sino a hábitats muy variados, pues se encontraron evidencias de árboles de bosque montano, sabana o praderas. Parece probable que estos ocupantes prehistóricos se dedicaran a clarear y controlar el bosque mediante el fuego. [44] Explotaron y cazaron monos y macacos folívoros, así como cerdos y lagartos monitores. Para ello es casi seguro que los pueblos de Niah usaron trampas, probablemente cepos, y quizá dardos o flechas; cazaron orangutanes y tortugas; y recolectaron moluscos de agua dulce, fruta,

raíces, tubérculos, médula de sagú y frutos secos. En Niah se excavaron grandes hoyos usados quizá para procesar plantas que contenían ácidos altamente tóxicos, como hacen hoy los pobladores modernos de bosques pluviales. [45]

También se han descubierto humanos modernos en otros contextos de bosque pluvial. En Sri Lanka, por ejemplo, encontramos evidencias abrumadoras del uso de arcos y flechas hace nada menos que 48 000 años, así como del probable empleo de veneno en puntas de proyectiles fabricadas con huesos de mono. [46] Hallamos evidencias de conjuntos de herramientas usados muy posiblemente para trenzar cuerdas con plantas y trabajar pieles de animales, de lo que se deduce que los humanos que aquí vivían pudieron haber usado elementos como redes. Normalmente, asociamos las evidencias más antiguas de ropa con la supervivencia en climas fríos, pero en el bosque pluvial puede que se adoptara para protegerse de las enfermedades tropicales transmitidas por insectos. [47] En Sumatra ha quedado demostrada la presencia de humanos modernos hace 65 000 años, [48] y por tanto resulta cada vez más probable que nuestros antepasados humanos modernos estuvieran bien adaptados a estos nuevos hábitats desde períodos extraordinariamente tempranos. Sin embargo, muchos investigadores habían creído que estas regiones no pudieron ser ocupadas hasta muchísimo después.

De hecho, encontramos humanos modernos en diversos lugares desde dataciones tempranas, no solo en los bosques pluviales del sureste y sur de Asia, sino cerca de las costas del Mediterráneo, en Australia y en los fríos climas de Siberia. En un intento de entender esta amplitud de ocupación,

algunos científicos han acuñado el término «especialista generalista» para describir el modo en que estos primeros humanos ocuparon medios tan variados, al tiempo que parecían adaptarse a hábitats extremadamente específicos. [49]

Las evidencias, por consiguiente, apuntan a que algunos humanos se marcharon de África antes de lo que el modelo tradicional Salida de África 2 ha sugerido, desde luego antes de hace 120 000 años, y que probablemente se produjeron múltiples salidas. [50] La primera no terminó en una amplia dispersión de grupos humanos por toda Eurasia y hasta Australia, sino que condujo quizá a su extinción y desaparición. Parece que solo después de hace 50 000-60 000 años encontramos humanos ampliamente extendidos por todas las regiones de Eurasia, el sureste asiático y Australia.

Una de las razones por las que los humanos no lograron establecer asentamientos más permanentes pudo ser la competencia, tal vez por la presencia de neandertales y otras poblaciones humanas. Creo que este pudo ser un factor, pero no la única explicación. Considero más probable que, antes de la dispersión por una amplia variedad de medios en Eurasia, el *Homo sapiens* hubiera empezado a desarrollar todo un espectro de nuevas y mejoradas tecnologías para sobrevivir y prosperar. En las regiones frías de Eurasia, de manera particular, se habría precisado ropa de abrigo hecha con pieles tratadas, calzado o botas forradas de piel, y quizá incluso esquíes; se habrían necesitado nuevas técnicas de caza para adaptarse a medios nuevos y difíciles como los bosques plu-

viales, desde proyectiles con puntas de piedra dotados de mayor poder destructivo hasta arcos y flechas, [51] trampas, cepos y redes. [52] Sin estos elementos, la vida en los hábitats más extremos del mundo habría sido muy dificultosa, cuando no imposible. Una vez inventados, sin embargo, las evidencias arqueológicas demuestran que los humanos pudieron adaptarse y prosperar. A partir de este período, vemos que los humanos se comportan como una especie invasora, [53] desplazándose hasta una amplia variedad de entornos nuevos por toda la ancha vastedad de Eurasia. Rastrear estas poblaciones por el tiempo y el espacio ha sido sumamente complicado, pero ahora nos vamos acercando paso a paso a la reconstrucción de lo que sucedió. Grupos de *Homo sapiens* que habían salido de África acabaron coincidiendo con poblaciones con las que compartían ascendencia, pero de las que habían permanecido separados durante cientos de miles de años. Y la más conocida son los neandertales.

Capítulo 2

Los neandertales salen a la luz

Un día de agosto de 1856, en un valle próximo a la ciudad alemana de Düsseldorf, la historia de los orígenes de la humanidad cambió para siempre por un descubrimiento fortuito. El valle, o *Thal*, había sido durante muchos años una cantera de extracción de cal, y el equipo de mineros que allí trabajaba había casi agotado los depósitos del lugar. Todavía quedaba por barrenar una zona: la faz de una pared rocosa con dos pequeñas cuevas situadas a 20 m por encima del río. El acceso a las cuevas era muy difícil desde abajo, y por eso se habían dejado para el final. Los mineros se descolgaron por la pared cortada a pico desde lo alto del valle y colocaron cargas dentro de las cuevas, con la intención de volarlas y empezar el proceso de extracción, pero antes entraron para sacar con las palas sedimentos y rocas fragmentadas. El interior de la cavidad empezó a vaciarse rápidamente, y fue entonces cuando uno de los mineros reparó en algo que sobresalía de la tierra.

Apareció un cráneo, después unos cuantos huesos largos, dos fémures y algunos huesos de un brazo, un trozo de pelvis y unas pocas costillas. Como los restos eran de muy poco

interés para los mineros, concentrados solo en la piedra caliza que cobraban por extraer, arrojaron los fragmentos óseos desde la cueva al lecho del valle. La mayoría de estos fragmentos fueron reunidos después por el propietario de la cantera, Friedrich Wilhelm Pieper, que los guardó en una caja de madera. Pieper tenía un amigo, un maestro del lugar llamado Johann Carl Fuhlrott, aficionado a la historia natural. Pieper solía visitarlo cuando aparecía algo interesante en el valle y, al enseñarle los huesos de la caja, Fuhlrott los reconoció al instante como humanos. Pieper se quedó horrorizado, temiendo que los restos pudieran ser recientes, quizá de la víctima de un asesinato. Fuhlrott lo tranquilizó diciéndole que los huesos parecían demasiado antiguos para que le interesaran a la policía.

Figura 5. Yacimientos en Europa y Oriente Próximo con sus localizaciones geográficas.

El cráneo era de apariencia humana, salvo por el extraordinario grosor de los arcos superciliares, mucho mayores que los de cualquier humano moderno. Fuhlrott llevó después los restos a Hermann Schaaffhausen, investigador de

historia natural del Museo de Bonn, que fue quien los describió para el mundo en una publicación de 1858. [1]

La antigüedad de los restos fósiles era una cuestión fundamental para otros científicos que investigaron los huesos. Dos años después, empeñado en recabar más detalles sobre la localización precisa de los huesos y su contexto, Fuhlrott entrevistó a dos de los mineros que habían trabajado en la cueva aquel día, Luigi y Alessandro. Muy mal aconsejado, se presentó en el lugar con un abogado y sin ninguno de los incentivos acostumbrados (dinero y cerveza). Lamentablemente, y quizá por este motivo, ambos manifestaron que no recordaban nada en absoluto. [2] - [3]

El valle *(Thal)* se llama Neander y los restos pertenecían al más famoso de los «otros» grupos humanos: los neandertales. El esqueleto es el «espécimen tipo» u holotipo de los neandertales, el Neandertal 1 o el espécimen de Feldhofer. [4] Taxonómicamente, denominamos a los neandertales *Homo neanderthalensis*.

Es relevante, creo, que la traducción literal de la palabra griega *Neander* sea «hombre nuevo». El hecho de que un tipo de humano diferente, un Hombre Nuevo, hubiera vivido tiempo atrás en Europa causó una profunda conmoción en la ciencia. Por aquellos años, la clasificación racial de los grupos humanos basada en el aspecto, el comportamiento inferido y la inteligencia había dado como resultado una visión de la humanidad burdamente distorsionada y rotundamente falsa. A los europeos blancos (varones) se les consideraba superiores a todos los demás. Los africanos y los aborígenes

australianos eran considerados, en el mejor de los casos, primitivos, y muchos los tenían por «salvajes». Era natural que estos neandertales recién descubiertos encajaran también en la «otra» categoría.

Sin embargo, otro hallazgo, en Francia en 1909 —el esqueleto casi completo del Viejo de La Chapelle-aux-Saints— demostró que, al menos en la región poscraneal, los neandertales eran mucho más parecidos a nosotros que los cavernícolas tradicionales de la cultura popular.[5] A pesar de una recreación que pintaba al Viejo (en realidad, un hombre de no más de cuarenta y cinco años) como salvaje, achaparrado y de pocas luces, había algo en él que llamaba la atención. Recordé este extremo en el 2006 cuando acudí al Museo del Hombre de París con el propósito de tomar muestras para la datación de los famosos esqueletos de humanos modernos cromañones. En el transcurso de la visita, el conservador de la inmensa colección de humanos preguntó si me gustaría echar un vistazo al sótano del museo, donde se guardaban los especímenes más valiosos. Como es natural, aproveché la oportunidad sin dudarlo. Bajamos y bajamos en un pequeño y vetusto montacargas y al final nos encontramos entre vitrinas y cajas, la mayoría con candados. Poco a poco, una a una, fueron saliendo las joyas de la corona prehistórica francesa: esqueletos de todos los tamaños, hermosas venus y, después, con enorme sorpresa y gozo por mi parte, el esqueleto del mismísimo Viejo. Observándolo de cerca mientras lo sostenía en mis manos, alcancé a ver algo en lo que otros no habían reparado: prácticamente le faltaban todos los dientes, perdidos antes de su muerte, y no después. Debió de resul-

tarle muy difícil ingerir y procesar la comida, y seguramente habría necesitado ayuda de una comunidad o de un grupo más grande: no podría haber sobrevivido solo. El Viejo de La Chapelle demostraba que entre nosotros y los neandertales había más similitudes que diferencias en cuanto a la tranquilidad que brinda una red social de apoyo. Pero ¿hasta qué punto eran similares a nosotros en términos más generales? ¿Son nuestros antepasados evolutivos o somos completamente distintos? En este último caso, ¿qué contacto tuvimos con ellos? Estas son preguntas que los científicos llevan discutiendo, a menudo con vehemencia, más de 150 años.

Como hemos visto, compartimos un ancestro común con los neandertales hace unos 530 000 años, pero pasado ese momento nos escindimos, y los neandertales evolucionaron por separado y principalmente en los climas fríos de Eurasia septentrional, mientras que nosotros ocupamos África durante gran parte de nuestra historia evolutiva. Los neandertales son, entonces, nuestros primos evolutivos, más que nuestros antepasados. Mucho después, los neandertales desaparecen del registro fósil de Europa casi en el mismo momento en que parecen haber llegado los humanos modernos. Esta coincidencia ha servido para deducir una probable causalidad, indicativa para muchos científicos, de nuestra probable superioridad cognitiva y tecnológica comparados con ellos. Así pues, durante buena parte de los últimos 150 años, a los neandertales se les ha considerado un callejón sin salida en el plano evolutivo. Esta teoría de nuestra superioridad ha prevalecido porque nosotros sobrevivimos y ellos no.

Sin embargo, las investigaciones de las últimas décadas han demostrado que esa interpretación es errónea. El lugar que ocupan los neandertales en nuestra historia evolutiva ha cambiado radicalmente a la luz de nuevos descubrimientos científicos y tecnológicos, los avances en las excavaciones y el análisis meticuloso de antiguas colecciones museísticas. Y resulta que hemos menospreciado notablemente a los neandertales, que eran cultural, social y tecnológicamente mucho más parecidos a nosotros de lo que siempre habíamos creído.

Tomemos como ejemplo la subsistencia y la dieta. Durante muchos años se sostuvo que la dieta de los neandertales era pobre, con predominio de la carne de mamíferos grandes o de tamaño medio, y que carecía de la variedad que parece haber acompañado la llegada del *Homo sapiens*. Las evidencias que apoyan la importancia de la carne procedían de los yacimientos arqueológicos, pero también —y esto reviste capital importancia— de los isótopos de carbono y nitrógeno del colágeno óseo de los humanos, que indicaba que los neandertales eran carnívoros situados en la cúspide de la cadena trófica y que, por tanto, comían principalmente carne. [6] Pese a este énfasis en la carne, algunos sostuvieron que los neandertales eran más carroñeros que diestros cazadores.

La interpretación común de los neandertales como una especie adaptada al frío confirmaba en apariencia estas teorías, puesto que otros grupos humanos de cazadores-recolectores que viven hoy en entornos árticos fríos presentan una dependencia similar de la carne. Se ha postulado que esta dieta se mantuvo estable a lo largo del tiempo, sin apenas cambios o variaciones. Curiosamente, estos datos han servido para

deducir aspectos de la estructura social de los neandertales. Algunos investigadores, por ejemplo, han sugerido que probablemente no observaban una división sexual del trabajo, que sí se percibe a menudo en grupos de cazadores-recolectores, donde los hombres cazan animales y las mujeres, con mayor frecuencia, recolectan y procesan plantas, tubérculos y demás vegetales. La alta dependencia de los neandertales de la carne ha servido para sugerir que en la caza y el carroñeo participaban probablemente ambos sexos. Partiendo de este supuesto, se ha deducido además que los humanos modernos tenían una importante ventaja sobre ellos porque las mujeres *Homo sapiens* podían obtener una mayor variedad de alimentos. Esta tesis ignora que grupos que hoy dependen de la carne, como los inuits, observan también una división sexual del trabajo. [7]

Es importante señalar, sin embargo, que los neandertales habitaban en un vasto rango geográfico dentro del cual imperaban distintos regímenes climáticos y medioambientales, así que quizá no sea raro que apreciemos también variaciones en la dieta a través del espacio. Este es un punto clave, porque resulta que la proporción de carne en las dietas frente a la materia vegetal se halla también íntimamente vinculada al clima. En los climas más templados, los cazadores-recolectores suelen aprovechar una cantidad mayor y más variada de alimentos vegetales. [8] Además, ningún grupo humano puede sobrevivir solo con carne, así que, sin duda, debieron de consumir ocasionalmente vegetales.

Trabajos recientes han demostrado que así fue, y que sus dietas eran más variadas de lo que pensábamos. En el sur de

España, por ejemplo, disponemos de evidencias del empleo de recursos marinos entre los neandertales, lo que incluye la caza y captura de focas, peces y moluscos. [9] En yacimientos de Grecia e Italia existe evidencia de la caza de tortugas y aves, así como de marisqueo. [10] El estudio microscópico de la placa dental de los neandertales demuestra la presencia de almidones y fitolitos de plantas, junto con trazas de semillas, frutas, frutos secos y verduras. [11] Parece ser que los neandertales comían lentejas, nenúfares, pistachos, tubérculos, cereales silvestres, higos, setas, piñones, musgos y otros muchos alimentos de origen vegetal; [12] desde luego, no eran exclusivamente carnívoros. Creo que nuestras interpretaciones previas se han visto influidas por la presencia abrumadora de huesos animales en los yacimientos arqueológicos neandertales y por la ausencia de información sobre otras fuentes dietéticas, principalmente porque las plantas y la materia vegetal no sobreviven bien en el registro arqueológico.

Figura 6. Pie neandertal de El Sidrón.

¿Qué más consumían los neandertales? En el yacimiento asturiano de El Sidrón los arqueólogos han encontrado evidencias bastante desagradables de un macabro suceso ocurrido hace 49 000 años. En 1994 unos espeleólogos descu-

brieron una cámara en un complejo subterráneo que contenía algunos huesos humanos. En un principio se pensó que podrían pertenecer a víctimas de la Guerra Civil, pero, en realidad, eran mucho más antiguos. Al final se exhumaron los restos de unos 13 neandertales. [13] [14] La excavación reveló que los huesos fueron traídos desde otro punto de la caverna y enterrados juntos, pero lo fundamental era que estas muertes se debieron a un único y catastrófico suceso; todos murieron a la vez, hombres, mujeres y niños. Pero ¿cómo? Un meticuloso análisis de los huesos reveló que estaban cubiertos de cientos de pequeños cortes causados por herramientas de piedra, y que otros estaban rotos y partidos. Recuerdo haber analizado los huesos mientras efectuaba trabajos de datación y estudio de isótopos, y apreciar en todos ellos evidencias de cortes, roeduras y fracturas. Vi los huesos de un pie completo de neandertal todavía envuelto en sus sedimentos tras haber sido desechado. A juzgar por la datación, los neandertales de El Sidrón habían sido despiezados y devorados, con casi total seguridad, por otros neandertales.

¿Fue el hambre la causa? ¿Fue un comportamiento ritual? Solo caben conjeturas. Parece, con todo, que el canibalismo no fue una práctica inhabitual entre los neandertales. Existen muchas evidencias de marcas de despiece en restos humanos, y ha quedado probado que los huesos humanos eran tratados de manera similar a los de presas de otras especies. [15] Creo que esto demuestra la existencia entre los neandertales de grupos o bandas que se mataban y, a veces, se comían entre sí. Siguiendo con las conjeturas, podría establecerse como causa las luchas por acceder a mejores cazaderos

o refugios cavernarios, pero apenas hay evidencias concluyentes que apoyen esta hipótesis.

Al comparar a los *Homo sapiens* modernos con los neandertales, apreciamos algunas similitudes en sus estrategias adaptativas; da la impresión de que no eran tan diferentes. Me parece que las variaciones dietéticas, en caso de existir, podrían estar más influidas por el entorno y los recursos disponibles que por el comportamiento o la habilidad para la recolección. En cuanto al sustento diario, parece que los neandertales «comían lo que había», [16] centrándose en los recursos que tenían a mano, incluidos los sujetos a restricciones estacionales. Esto demuestra que debieron necesitar un cierto grado de planificación, lo que permite indagar en la organización social y la comunicación de los neandertales.

La constatación creciente de una adaptación más compleja queda ilustrada, además, por datos nuevos que demuestran que los neandertales pudieron haber utilizado plantas para tratar a los enfermos. Esta información proviene de las biomoléculas almacenadas en la placa dental. Uno de los neandertales de El Sidrón padecía un absceso, y en su placa dental se identificaron compuestos moleculares de aquilea y manzanilla. El amargor y bajo valor nutritivo de estas plantas sugieren la posibilidad de que se usaran como medicamentos. [17] El ADN antiguo y las proteínas extraídos de la misma placa evidenciaron la presencia de ácido salicílico, materia prima del principio activo de la aspirina y derivado de la corteza del sauce. Me pregunto si El Viejo de La Chapelle fue tratado de esta manera; espero que sí. Además, el individuo de El Sidrón probablemente padecía diarrea aguda

causada por una bacteria. Las secuencias de ADN derivadas de un hongo *Penicillium*, principio activo de la penicilina, dan indicios una vez más de automedicación con empleo de antibióticos naturales. [18]

A lo largo de la década pasada han sido también objeto de nuevos escrutinios otros aspectos de la adaptación y el comportamiento de los neandertales. Uno de los elementos más visibles del registro arqueológico son los útiles líticos. Los neandertales europeos produjeron la industria lítica que llamamos Musteriense —por el yacimiento francés de Le Moustier—, que data del período de la Edad de Piedra conocido como Paleolítico Medio y se caracteriza por un método de fabricación de herramientas denominado técnica Levallois, que se remonta a alrededor de 250 000-300 000 años atrás. Levallois es un método refinado de elaborar bonitas herramientas retocadas y debe su nombre al barrio situado al oeste de París, cerca del Sena, donde apareció por primera vez este tipo de utensilio. Primero se da a una piedra la forma deseada para la herramienta; este es el llamado «núcleo». Una de sus caras se retoca para que semeje el caparazón de una tortuga. Desde la base de este núcleo, y con un solo golpe dado desde el llamado plano de percusión, puede obtenerse un útil lítico curvo. Las herramientas Levallois se distinguen por un notable incremento del tamaño del filo cortante en comparación con útiles anteriores. En realidad, no sabemos a ciencia cierta dónde o quién empezó a fabricar herramientas Levallois —en África se han encontrado yacimientos con casi 300 000 años de antigüedad—, pero los neandertales son el grupo con que se las asocia más comúnmente. [19] Al-

gunos han apuntado que, debido a la ausencia de cambios culturales relevantes en el conjunto de herramientas líticas de los neandertales, estos carecían de capacidad para innovar. El argumento alternativo, por supuesto, es que ese conjunto de herramientas bastaba para atender todas sus necesidades y estaba hecho para durar.

Sin embargo, resulta que los neandertales fueron mucho más innovadores de lo que se pensaba, y que usaron otras tecnologías más complejas para fabricar herramientas. Hace unos 72 000 años, en el yacimiento de Umm-el-Tlel (Siria), los neandertales calentaron pequeñas bolas de bitumen para enmangar sus armas Levallois, probablemente lanzas de madera. [20] La evidencia de otros yacimientos demuestra que usaban pez de corteza de abedul para procurarse asas o enmangar herramientas. Sabemos que fabricaban *lissoirs*, o pulidores de huesos, que quizá fueron el artilugio clave para ablandar el cuero y trabajar las pieles. [21] Antes se pensaba que estas herramientas fueron de uso exclusivo del *Homo sapiens;* pero no ocurrió así, y de hecho es posible que fueran los neandertales quienes enseñaran a los humanos modernos a trabajar las pieles.

Otros materiales que pudieron haber servido para fabricar herramientas, y en particular la madera, no se conservan igual de bien en el registro arqueológico, pero en algunos casos tenemos constancia de estos artefactos más frágiles. Por ejemplo, en la década de 1990, en el yacimiento alemán de Schöningen, se reveló la posible importancia de la madera con el descubrimiento de nueve lanzas bellamente elaboradas, un venablo, un palo quemado y un instrumento de pun-

ta doble, encontrados entre los restos de unos caballos despiezados con una datación de hace unos 300 000 años. [22] Los instrumentos fueron depositados inicialmente cerca de la orilla de un antiguo lago y quedaron conservados en sedimentos hasta que salieron a la luz durante la explotación de una mina de lignito a cielo abierto. Es posible que sus artífices no fueran neandertales, sino *Homo heidelbergensis* u otros homininos anteriores emparentados con ellos, pero a mí me sugieren que esta tecnología, a partir de esta datación, fue usada casi con total seguridad por nuestra familia humana. Cabe preguntarse cuántos ejemplos más de esta tecnología habrán sucumbido a los estragos del tiempo y nunca serán encontrados por los arqueólogos.

Las comidas y las herramientas, sin embargo, no son forzosamente indicativas de comportamientos cognitivos complejos. ¿Eran los neandertales capaces de expresarse mediante formulaciones abstractas y simbólicas? ¿Podían crear arte, recordar sus sueños o bromear? Y, si efectivamente hubo alguna diferencia entre nosotros y ellos, ¿pudo ser esta la razón última de nuestra exitosa supervivencia y de su desaparición?

Los arqueólogos tienen que inferir el comportamiento a partir del registro de materiales y artefactos, lo que resulta complicado. En los albores del Paleolítico Superior Temprano en Europa, hace unos 45 000 años, observamos en el registro arqueológico una proliferación de objetos como dientes perforados y colgantes de conchas, el uso de pigmentos y colorantes, huesos decorados y grabados, tallas figurativas y pinturas rupestres. Esto ocurre más o menos por la

época en que el *Homo sapiens* aparece por primera vez. Los objetos y ornamentos de este género son importantes porque nos acercan a la mente humana, y en particular a lo que llamamos complejidad conductual o cognitiva. Los objetos simbólicos complejos permiten transmitir información a otros, a veces a grandes distancias. Los símbolos son poderosos; pueden servir para unir a las personas, otorgar grados de pertenencia, reflejar el rango o la jerarquía y atraer a gentes lejanas con miras a forjar alianzas. Los beneficios de este tipo de sistema son de gran alcance. En épocas de apuros económicos o de dificultades para la subsistencia, pueden otorgar una ventaja a determinados grupos en detrimento de otros. Una identidad compartida y una alianza de grupo facilitan que se preste ayuda en caso de necesidad y que se pueda confiar en otros para recibir asistencia. Las redes y vínculos intergrupales pueden igualmente reducir la peligrosa endogamia en grupos pequeños de cazadores-recolectores y garantizar la conservación de la diversidad genética. Además, el mantenimiento de vínculos y relaciones con grupos distantes puede ayudar a preservar y difundir innovaciones culturales que en caso contrario podrían desaparecer con la extinción de un grupo pequeño. Esta sociabilidad a múltiples niveles se erige como uno de los motores principales de la exitosa migración y dispersión por el mundo de grupos humanos de cazadores-recolectores de baja densidad, y de la transmisión efectiva de ideas y conocimientos entre unos y otros a través del tiempo. [23]

La repentina proliferación en Europa de diferentes tipos de artefactos simbólicos en tiempos del Paleolítico Superior

Temprano se ha tomado como evidencia de la llegada y dispersión relativamente rápidas de los humanos modernos y la concomitante destrucción de los neandertales. Con frecuencia se ha dado por sentado que los objetos del Paleolítico Superior solo están asociados a los humanos modernos. Pero ¿estuvieron asociados *exclusivamente* a nosotros? Cada vez hay más evidencias que sugieren que no. De aquí se infiere que los *Homo sapiens* no fueron los únicos capaces de un comportamiento tan avanzado.

En un yacimiento neandertal del sur de España, por ejemplo, los arqueólogos encontraron cuentas con perforaciones que permitían llevarlas encima o exhibirlas. Además, sobre las conchas [24] y en sus proximidades se descubrieron restos de pigmentos, que incluían minerales como el ocre (rojo), la pirita (negro) y la natrojarosita (amarillo). De un hueso pequeño con pigmento en la punta se deduce que fue usado para preparar y mezclar estos pigmentos y obtener diferentes colores, utilizando una concha grande de *Spondylus* como recipiente. Los restos datan de hace unos 115 000-120 000 años, [25] mucho antes de la presencia en Europa de humanos modernos del Paleolítico Superior. En el antiguo Egipto, la natrojarosita se usaba como cosmético. ¿Pudieron los neandertales haber usado estos pigmentos para obtener el mismo efecto o decorar sus cuerpos? Creo que la respuesta debe ser que sí. En Sudáfrica, en el yacimiento de la cueva de Blombos, se ha entendido que evidencias similares, aunque mejor conservadas, de pigmentos y preparación de colorantes reflejan una complejidad conductual entre los humanos mo-

dernos. [26] Es indudable que debe aplicarse el mismo principio a los neandertales de España.

Además de conchas, parece que los neandertales manifestaron un genuino interés por las plumas de las aves de presa, que quizá utilizaron de manera decorativa y, por ende, simbólica. Esta asunción se basa en la presencia en yacimientos de huesos alares de ciertas aves que fueron, sin duda, cortados y serrados con herramientas líticas. Se argumenta que, dado que estos huesos proceden de las alas y carecen de valor nutricional, debió de haber otra razón para fijarse en ellos. Tal vez el objetivo fueran las plumas de las alas, acaso para usarlas como ornamento. Un total de 16 yacimientos neandertales han proporcionado hasta ahora ejemplos de plumas relacionadas con este comportamiento. [27] Asimismo, existen cada vez más evidencias de que los neandertales utilizaron también las garras de las aves. En yacimientos de Francia [28] y Croacia [29] se han identificado garras cortadas con herramientas de pedernal. En el yacimiento croata de Krapina hay evidencia de garras en un cordel, quizá para lucirlas alrededor del cuello. [30]

En la cultura popular es frecuente asociar a los neandertales con las cuevas. Si bien es verdad que la mayoría de las evidencias asociadas a este grupo se encuentran en cuevas, suelen situarse en la entrada, y no en sus profundidades, presumiblemente por el frío que hacía en el interior y porque era preferible acampar en la boca de la cueva para mantener la visión del entorno. En febrero de 1990, un muchacho de quince años llamado Bruno Kowalsczewski hizo un descubrimiento extraordinario que modificó este supuesto y

cambió, además, nuestra comprensión de determinados aspectos de la mente neandertal. [31]

El padre de Bruno llevaba mucho tiempo preguntándose por el origen de unos soplos de viento que parecían provenir de detrás de un canchal en la región francesa de Aveyron, en un yacimiento llamado Bruniquel. Los espeleólogos descubren a veces entradas de cuevas al sentir corrientes de aire como esta. En invierno el aire está más caliente dentro de una cueva que en el exterior, y por eso los soplos de aire templado que surgen desde detrás de un canchal pueden ser indicadores de que, sellada tras los escombros de un antiguo corrimiento de tierras, podría hallarse la entrada de una cueva. Estimulado por la corazonada de su padre, Bruno excavó en el canchal y durante tres años fue horadando lentamente un túnel. Después de excavar 30 m, el túnel se abrió por fin y pudo deslizarse, junto con algunos de sus amigos espeleólogos, hasta una cámara interior más ancha: [32] había descubierto una cueva sellada durante milenios. Dentro pudo ver estalagmitas y estalactitas, así como evidencias de haber sido ocupada antiguamente por osos. En el suelo yacían algunos huesos de osos, junto con evidencias de oseras y huellas de garras en las paredes, dejadas por los osos cuando despertaban del letargo invernal. Sin embargo, más adentro, a 336 m de la entrada, descubrieron algo que solo podía haber sido obra de humanos: estalactitas rotas —algunas quemadas— colocadas deliberadamente para formar dos círculos de unos 7 y 2 m de diámetro. En algunas zonas las estalactitas estaban apiladas. En derredor se veían trazas de fuegos. ¿Quié-

nes habían sido los autores de tan extraños rasgos arqueológicos, y cuándo?

Las dataciones obtenidas posteriormente les atribuyeron 170 000 años de antigüedad, así que fueron, con certeza casi total, obra de neandertales. Si Bruniquel era un lugar de reunión, un sitio donde los chamanes se comunicaban con los espíritus o quizá el escenario de alguna actividad funeraria, no podemos saberlo. Hasta este descubrimiento no teníamos pruebas que apoyaran que los neandertales vivieran en las profundidades de las cuevas; sencillamente dábamos por sentado que no podían vivir en el interior, por miedo o por alguna otra razón. Pero en Bruniquel disponemos de evidencia de la construcción de estructuras, del uso del fuego y de una posible reunión de personas hace más de 170 000 años, mucho antes de que encontremos pruebas fehacientes de la presencia del *Homo sapiens* en el continente.

Los neandertales no se limitaban a entrar en las profundas cuevas; trabajos recientes indican que también pudieron dejar en ellas grabados geométricos y pinturas rupestres. Una vez más, esta actividad también se había considerado exclusiva del *Homo sapiens*. En Gibraltar, en la cueva de Gorham, salió a la luz en el 2014 un símbolo similar a nuestra actual almohadilla (#) grabado en la roca, en un período que demuestra que solo pudo ser obra de neandertales. [33] También en este caso nos desconcierta cuál era su finalidad o qué pretendía comunicar el autor o los autores con estas marcas geométricas en las piedras. En otras cuevas de España, como las de Ardales, Maltravieso o La Pasiega, las dataciones de pinturas parietales consideradas con anterioridad obra de

humanos modernos han arrojado una datación sorprendentemente antigua. [34] Las pinturas incluían marcas rojas y el estarcido de una mano humana, la más evocadora de las representaciones. Las dataciones con series de uranio de las películas de carbonato de calcio que cubrían estas pinturas demostraron que las más antiguas se remontaban a hace *por lo menos* 65 000 años, mucho antes de las primeras evidencias de humanos modernos en Europa y del arte asociado a ellos. La datación con series de uranio proporciona edades mínimas, de modo que la antigüedad de las pinturas supera los 65 000 años, pero no sabemos cuánto. ¿Pudieron los neandertales ser los pintores de otras cuevas que conocemos en Francia y España? Para estar seguros necesitamos obtener evidencias más directas de las propias pinturas. Si las dataciones más recientes son fiables, las evidencias sugieren que los primeros pintores de las cavernas fueron neandertales, no *Homo sapiens*.

En consecuencia, la evidencia nos lleva a pensar que los neandertales no eran unos cavernícolas brutos e ignorantes, sino mucho más parecidos a nosotros de lo que hasta ahora habíamos sospechado. Este cambio de criterio es reciente, y también plantea la posibilidad de que los primeros *Homo sapiens* de Europa aprendieran cosas de los neandertales. [35] Muchos científicos han creído que cualquier conexión cultural habría ido en una sola dirección: de nosotros a ellos. Como es natural, para que algo así ocurriera habría sido necesario que nos encontráramos. Si este encuentro sucedió o no ha sido una de las cuestiones más arduamente debatidas de la arqueología del Paleolítico.

Los arqueólogos han mapeado una serie de yacimientos arqueológicos e industrias líticas datados entre 40 000 y 50 000 años atrás que documentan los inicios de la innovación. Vemos evidencias de herramientas líticas cada vez más pequeñas, las llamadas laminillas, con solo milímetros de longitud. No sabemos realmente cuál era su finalidad, pero basándonos en nuestros conocimientos de ejemplos posteriores, es probable que sirvieran para fabricar proyectiles, como puntas compuestas de lanzas o flechas. Vemos evidencias de que también se usaban hojas de mayor tamaño. Aparecen cada vez más puntas de hueso, junto con indicios de los adornos personales y objetos simbólicos que ya hemos visto. Conforme nos acercamos hasta hace 40 000-42 000 años, estos objetos empiezan a crecer en número y se asocian a las industrias arqueológicas conocidas como auriñacienses, que vinculamos a la llegada de los humanos modernos. Aquí, en decenas de yacimientos de toda Europa, aparece por vez primera una amplia gama de herramientas nuevas: ingeniosas puntas hechas de hueso y de astas con una base dividida que permitía enmangarlas con mayor eficacia a puntas de lanzas; laminillas elaboradas con un proceso de producción totalmente nuevo, y un amplio espectro de objetos decorativos y ornamentales. Surge un gran número de adornos personales; se han descubierto más de 150 tipos, hechos con conchas (16 especies), astas, hueso, marfil y, esporádicamente, incluso fósiles como amonitas y belemnítidos, junto con dientes ornamentales o colgantes obtenidos de una

gran variedad de animales: lobos, hienas, renos, leones e incluso humanos. [36]

Sin embargo, un poco antes del Auriñaciense, hace más de 42 000 años, vemos otras industrias líticas a las que llamamos «transicionales» (es decir, de transición entre el Paleolítico Medio y el Superior temprano). Ha sido muy difícil identificar a los fabricantes de estos artefactos, y se ha debatido con ardor si estas industrias llegaron con los primeros *Homo sapiens* o fueron obra de neandertales tardíos, quizá influidos por sus encuentros con grupos humanos modernos. La respuesta es decisiva para comprender el proceso de reemplazo de los neandertales por los humanos modernos y cómo se produjo. Algunas de las industrias líticas presentan un carácter marcadamente regional, por ejemplo, el Châtelperroniense en el norte de España y Francia, el Uluzziense en Italia y Grecia y el Bohuniciense en Europa central y oriental. [37]

El Châtelperroniense se ha asociado con neandertales a partir de las evidencias obtenidas principalmente en un solo yacimiento clave: la Grotte du Renne en Arcy-sur-Cure, al sureste de París. En las décadas de 1950 y 1960 se excavaron allí estratos arqueológicos musterienses, sobre los cuales había tres capas que se denominaron Châtelperroniense. Esta industria se caracteriza por la voluntad de sus fabricantes de producir hojas, y una de las herramientas, la punta de Châtelperron, constituye el tipo más representativo. Dentro de los estratos châtelperronienses de Arcy se encontraron 29 dientes neandertales y un huesecillo de oreja. Los arqueólogos hallaron también dientes perforados de animales como zorros, ciervos, hienas, osos y caballos, y curiosos marfiles

decorados con forma de anillo en estos mismos estratos: una gama de artefactos similares a los que solemos ver en el Auriñaciense, elaborados por el *Homo sapiens*. Después, en 1979, en el yacimiento francés de Saint-Césaire, se excavó un esqueleto neandertal que los arqueólogos asociaron con el nivel châtelperroniense. Puesto que los restos neandertales aparecieron junto con ornamentos y objetos cargados de simbolismo, se desprende que fueron obra de neandertales, lo que implica, una vez más, que también los neandertales presentaban un comportamiento simbólico o complejo.

Sin embargo, no todo el mundo está convencido de que la asociación entre los neandertales y los ornamentos sea legítima, y yo me cuento entre esos escépticos. Parece curioso que del centenar aproximado de yacimientos châtelperronienses, solo Arcy y otro más [38] contengan evidencias de ornamentos. Si esto era habitual entre los neandertales, sin duda, debería haber más. Otros han apuntado que la evidencia de Arcy podría ser resultado de mezclas en el yacimiento: los ornamentos hechos por humanos modernos pudieron haber descendido lentamente por la secuencia hasta los estratos châtelperronienses. O quizá los neandertales se limitaron a copiar trabajos del *Homo sapiens*.

Evidentemente, la datación del yacimiento y sus objetos es crucial. Cuando trabajé en Arcy en el 2006, quise comprobar si la secuencia estratigráfica era fiable u ordenada con respecto a la profundidad. Por lo común, a medida que en un yacimiento nos desplazamos desde el estrato arqueológico más bajo hacia el más alto, esperamos que su antigüedad decrezca, en consonancia con la secuencia de deposición.

Los resultados que obtuvimos fueron variados: en torno al 40 por ciento de los estratos eran congruentes con la edad esperada, pero muchos eran notablemente más jóvenes. Llegamos a la conclusión de que el yacimiento debía ser parcialmente mixto, como ya se había sugerido, y, por tanto, que la asociación entre los neandertales y los artefactos simbólicos era cuestionable. Nuestra interpretación fue objeto de severas críticas, [39] y se sugirió que el problema radicaba en nuestras dataciones, no en el yacimiento. [40]

Otro equipo obtuvo en Arcy nuevas dataciones con radiocarbono que aparentemente discrepaban de las nuestras, sin apenas valores atípicos significativos, que sugerían que la secuencia no estaba tan mezclada como habíamos señalado. [41] La diferencia podría radicar en que, aunque nosotros datamos un mayor número de artefactos, estos pudieron haber sido tratados con conservantes químicos, mientras que las muestras del otro equipo eran huesos sin tratar. En consecuencia, algunas de nuestras dataciones podrían ser demasiado recientes debido a esta contaminación no eliminada.

También hay que tomar en consideración el importantísimo esqueleto neandertal de Saint-Césaire. Algunos que pusieron en tela de juicio su asociación con el estrato châtelperroniense donde fue encontrado han afirmado la imposibilidad de establecer un vínculo fiable entre los dos. [42] Hay estudiosos que sostienen que la asociación entre los artefactos y los restos neandertales de la Grotte du Renne es sólida; otros rechazan el yacimiento por su carácter mixto. Como tantos debates en arqueología, este no tiene visos de terminar.

Si aceptamos por un momento que los ornamentos neandertales y simbólicos se hallan efectivamente mezclados en el estrato châtelperroniense de estos dos yacimientos y no hay mezcla accidental, ¿cómo debemos interpretar la evidencia? Algunos han argüido que la súbita aparición de lo que suele definirse como elementos humanos modernos dentro de un yacimiento neandertal constituye una «coincidencia imposible», [43] y que seguramente los neandertales debieron de tomar prestadas o copiar las tradiciones culturales de la ornamentación corporal después de que los humanos modernos llegaran a Europa. Esta ha sido denominada la hipótesis de la «aculturación». Paralelamente, siempre se planteó la pregunta de si era posible que este proceso de aculturización implicara un intercambio biológico además de cultural. ¿Se cruzaron nuestros antepasados con los neandertales? Un modelo de los orígenes del hombre postula que los humanos modernos no reemplazaron a los neandertales, sino que se produjo un intercambio genético entre la población moderna en expansión y los neandertales europeos autóctonos, con la asimilación de estos últimos en sus comunidades. [44]

La constatación creciente de que los neandertales eran más competentes de lo que se pensaba hace mucho menos probable que fueran «aculturizados» por los humanos modernos. El peso de la evidencia sugiere ahora que si hubo transmisión cultural, probablemente ocurrió en ambas direcciones, y que la evidencia más antigua de los inicios del comportamiento complejo en Europa antecede a la llegada del *Homo sapiens*. La datación es crucial, y abundaremos sobre este punto en los capítulos siguientes. Si, en efecto, se

produjo una transmisión e intercambio cultural, ¿hicieron nuestros antepasados algo más que *conocer* a los neandertales?

Esta pregunta ha calado en la imaginación popular tanto como en la ciencia, con varios *best sellers* de ficción que plantean situaciones del tipo «¿y si…». [45] Sin embargo, la primera evidencia de ADN mitocondrial extraída de restos óseos neandertales no revelaba signos de cruzamiento entre neandertales y *Homo sapiens*. [46] Lo que sugería que, o bien la coincidencia y el contacto entre los dos fueron escasos o nulos, o bien hubo una razón biológica, una incompatibilidad que impidió que pudieran cruzarse y generar descendencia viable. Recuerdo que la primera evidencia de ADNmt confirmó mi intuición de que no había habido cruzamiento y solo un escaso contacto entre los dos grupos. Como veremos a lo largo de este libro, esta interpretación se ha demostrado absoluta e indiscutiblemente errónea.

Sin embargo, para abordar la cuestión era necesario secuenciar el genoma nuclear. En el 2006, Svante Pääbo, que sería galardonado en el 2022 con el premio Nobel de Medicina y Fisiología, y su equipo iniciaron el Proyecto Genoma Neandertal, cuyo objetivo era la reconstrucción del genoma nuclear de los neandertales. Tan solo cuatro años después, en el 2010, se publicó el principal trabajo de referencia fruto del proyecto. La comparación de los genomas humano y neandertal demostró inequívocamente que entre el 1 y el 4 por ciento del ADN de las poblaciones no africanas procede de los neandertales. [47] Era verdad: ¡*sí* nos habíamos cruzado con nuestros primos neandertales! La propuesta teórica lar-

gamente aceptada de la sustitución sin cruzamiento se vino abajo: los neandertales viven parcialmente en nosotros.

¿Por qué el genoma mitocondrial no mostró en nosotros ninguna evidencia de introgresión neandertal y el genoma nuclear sí? [48] Una posibilidad podría ser que todos los vástagos híbridos con madres neandertales se criaran en grupos neandertales y desaparecieran con los neandertales cuando estos se extinguieron. Otra, que el cruzamiento causó problemas a los portadores de ADN mitocondrial e impidió que tuvieran descendencia viable. Por último, pudo ocurrir que las hembras neandertales y los varones humanos modernos fueran incapaces de engendrar vástagos fértiles. En los cromosomas sexuales del genoma nuclear se aprecian ciertamente algunos indicadores de esterilidad híbrida. Los cromosomas X de los humanos modernos y el ADN de la línea germinal (testes) demuestran una ascendencia neandertal reducida, que se ha tomado como evidencia de que los vástagos híbridos *quizá* tuvieron dificultades para procrear. Sea cual fuere la razón, está claro que hasta ahora la evidencia de ADN mitocondrial no dice nada sobre esta particular historia de cruzamiento.

¿Podríamos haber predicho el cruzamiento? Muchos creen ahora que sí. Resulta que en los primates se ha observado hibridación entre especies que divergieron hace más de 4 millones de años. En términos comparativos, nosotros compartimos con los neandertales un antepasado mucho más reciente. Como veremos más adelante, no solo parece que el cruzamiento y la hibridación fueron comunes entre los distintos miembros de la familia humana durante los últimos

200 000 años, sino que también podrían ser la clave para comprender cómo nos convertimos al final en una especie global tan exitosa.

El encendido debate sobre si los neandertales y los humanos modernos coincidieron e interactuaron arqueológicamente se ha mitigado, sobre todo, por el hallazgo del cruzamiento. Si nuestros grupos se cruzaron, entonces la transferencia cultural —el intercambio de ideas, pensamientos y lengua— también pudo haberse producido. Los humanos son hábiles tomando ideas nuevas, copiando otras y aprendiendo nuevas mañas, sobre todo cuando está en juego la supervivencia en un medio hostil. Sobre si hubo conflicto o las relaciones fueron pacíficas, solo podemos conjeturar, dadas las pocas evidencias. Sospecho que se dieron las dos situaciones en épocas y lugares diferentes. Entre los humanos modernos hay pacificadores y belicistas, palomas y halcones, y los neandertales, probablemente, no eran muy distintos.

Un yacimiento que ofrece perspectivas interesantes es Les Rois, en Francia, donde los arqueólogos que excavaban restos del período Auriñaciense encontraron varios dientes y dos mandíbulas humanas, una de un humano moderno y la otra de un niño neandertal. [49] La mandíbula neandertal había sido cortada con un útil lítico afilado. Las marcas eran similares a las que habían quedado en el yacimiento tras el procesamiento de huesos animales, como renos, para extraer la carne ¿Fue devorado este niño neandertal por humanos modernos? Es difícil afirmarlo con certeza. En algunos yaci-

mientos auriñacienses constan evidencias del uso de restos humanos con fines decorativos; por ejemplo, se conocen casos de dientes humanos perforados, probablemente para ensartarlos en un collar. En este caso puede que los restos neandertales se usaran con dicha finalidad. Quizá el niño sirvió para ambos propósitos.

Desde el descubrimiento de los primeros restos neandertales, y durante mucho más de un siglo, los paleoantropólogos han discutido y polemizado sobre los neandertales y nuestra relación con ellos. Si estábamos directamente emparentados por ancestros, si coincidimos alguna vez y si contribuimos a su desaparición. Se han hecho notables progresos, pero los debates continúan. Lo que ignorábamos, sin embargo, era que los neandertales fueron solo una parte de nuestra antigua historia humana; hubo otro pariente humano que vivió en Eurasia al mismo tiempo que los neandertales y sobre el que no teníamos noticia alguna. El mundo de la evolución humana estaba a punto de sufrir una convulsión. Entran en escena los denisovanos.

Capítulo 3

El camino a la cueva de Denísova

La historia de los denisovanos comienza con un hombre solitario en una cueva de la región de Altái, en la Rusia siberiana. El Altái viene a ser el punto de convergencia de Rusia, China, Mongolia y Kazajistán. Según la tradición oral de la zona, aquel hombre, un monje llamado Denis, había ocupado la cueva a fines del siglo XVIII, y allí permaneció muchos años como asceta, dando nombre a lo que hoy llamamos Denísova. [1] Pero no fue su primer ocupante, puesto que vivía sobre los restos arqueológicos de otros que habían habitado el lugar durante 300 000 años, como revelaría un siglo después un equipo de arqueólogos de la ciudad rusa de Novosibirsk.

Denísova se encuentra situada en mitad de Eurasia en la región de Siberia. Siberia es inmensa: se extiende desde los montes Urales por el oeste, formando la frontera entre Europa y Asia, hasta el océano Pacífico por el este, pasando por seis husos horarios. Siberia comprende los territorios de Extremo Oriente que bordean la cuenca del Pacífico y ascienden hasta Chukotka, emplazada en el estrecho de Bering, con Alaska al otro lado. Por el sur, Siberia linda con China, Mongolia y las estepas septentrionales de Kazajistán. Las

vastas tierras vacías de Yakutia [2] quedan por el norte, ocupando una quinta parte del territorio ruso con taiga, bosques boreales y permafrost. Cada pocos meses aparece en Yakutia otro mamut, león o lobo de la Edad de Hielo íntegro, con todo su pelaje y sus dientes, su sangre y sus colmillos, liberado de su prisión de hielo en continuo derretimiento. Al norte de la taiga se extiende la tundra, con llanuras pantanosas sin árboles, noches blancas y manadas de renos. Las regiones de Baikal y Transbaikal, donde el lago que les da nombre contiene, según se dice, nada menos que una cuarta parte del agua dulce del mundo, están situadas al sur y al este de Denísova y la región de Altái.

En derredor de Denísova, el Altái es un terreno subalpino moteado aquí y allá por casitas de maderas construidas a la manera tradicional por los habitantes de la región. En las alturas se dibujan las oscuras siluetas de grandes águilas que sobrevuelan valles fluviales cerrados por altos y escarpados picachos envueltos en un manto de pinos, abedules y píceas. Caballos y cerdos campan libremente por pueblos aislados. Se dice que los caballos son de la misma raza que los del ejército de Gengis Kan. El aire es límpido y las aguas de los ríos claras y frías. En verano las praderas revientan de bayas silvestres y flores de vivos colores. El poeta, pintor y escritor ruso de fines del siglo XIX Nikolái Roerich llamó al Altái «la Perla de Asia», y tras pasar aquí unas pocas horas se entiende por qué.

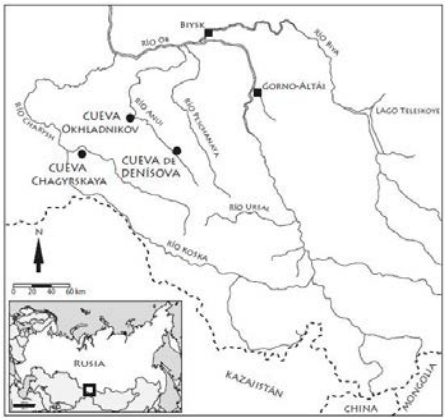


Figura 7. Yacimientos de Altái con sus localizaciones geográficas.

La primera vez que tuve noticia de Altái fue por Paul Haesaerts, un amigo y colega belga, que me contó que era uno de los lugares más hermosos que había visto y que no podía perdérmelo. Tomé nota mental de que debía seguir su consejo algún día, y así lo hice, de lo que me alegro.

Pero Denísova es un paraje remoto, y por eso sus secretos se han mantenido ocultos. Hasta época bastante reciente, resultaba complicado llegar hasta la cueva. Las carreteras que atraviesan el Altái eran malas y a veces intransitables, hasta el punto de que a los arqueólogos los dejaban allí en helicóptero y permanecían acampados semanas o meses.

Para llegar hasta el Altái y la cueva de Denísova suelo tomar un avión con escala en Moscú hasta Novosibirsk, capital de Siberia y la tercera ciudad más grande de Rusia. En los vuelos nocturnos se ve la tierra oscura durante largos trechos, salvo por el parpadeo esporádico de las luces de alguna pequeña localidad. Siempre me imagino lo difícil que debió de ser caminar en tiempos prehistóricos por estos espacios inmensos y desolados.

Después de llegar a Novosibirsk tenemos que conducir cinco o seis horas por la estepa del sur de Siberia, atravesando durante el verano kilómetros y kilómetros de campos de trigo y de girasoles, hasta que la orografía cambia y surgen colinas bajas en el horizonte. Las carreteras se vuelven más accidentadas y pedregosas, aparecen baches y, de vez en cuando, las aguas crecidas de un río anegan por completo el camino. Precisamente cuando el traqueteo y los botes del todoterreno se vuelven intolerables, y después de unas once horas de viaje en total, surge por fin el campamento base del equipo de Denísova y llega el momento de ver a los viejos amigos, instalarse, deshacer el equipaje y relajarse, normalmente con unos tragos de vodka, y disfrutar de la cena en un ambiente cordial.

La primera vez que comí con mis colegas rusos tuve que explicarle al profesor Michael Shunkov, codirector de la excavación de Denísova, que era vegetariano. Cuando su traductor le transmitió mi mensaje, Michael respondió al instante, en perfecto ruso-inglés: «¡No sobrevivirás en Siberia!». Y, en efecto, la carne está muy presente en el menú, pero gracias a la hospitalidad rusa todavía no me he quedado con hambre ni una sola vez.

El primer yacimiento paleolítico del macizo de Altái fue descubierto en 1961 por A. P. Okladnikov, el padre de la arqueología siberiana del Paleolítico. Después, la filial siberiana de la Academia Rusa de Ciencias en Novosibirsk empezó a construir los alojamientos e instalaciones con que hoy cuenta el campamento base de Denísova. Es un lugar muy agradable, con varias edificaciones tipo chalé, agua corrien-

te, un bonito comedor, cocinas y, desde hace poco, incluso *spa* y sauna. El contraste con las otras excavaciones en Altái no podía ser más llamativo. En yacimientos como Chagyrskaya y Strashnaya, a unas cuatro horas en todoterreno de Denísova, los visitantes duermen en tiendas de campaña y cocinan en hornillos. En comparación, el campamento de Denísova es lujoso. Cuando empecé a visitar el yacimiento no había cobertura para teléfonos móviles, pero en el 2018 el equipo de investigadores y yo pudimos ver por televisión el Mundial de fútbol en uno de los chalés para invitados.

La cueva dista unos 100 m del campamento base y se encuentra situada por encima del río Anui, que borbotea constantemente allá abajo en su largo viaje hasta el caudaloso río Obi [3] para, al final, verter sus aguas en el océano Ártico. La fama del yacimiento se extendió con rapidez cuando los medios de comunicación internacionales informaron ampliamente del descubrimiento de una nueva especie humana en la cueva. Por detrás del yacimiento han montado incluso un cobertizo que vende imanes para neveras y postales, réplicas de artefactos y llaveros. En la carretera puede verse ahora un enorme letrero rojo: *«ДенЙсова ПеЩéра»* (Cueva de Denísova), con una flecha que indica la pendiente por donde se llega al yacimiento. Los rusos son cada vez más conscientes de la importancia de los denisovanos y de la cueva en el mundo de la arqueología. Poco a poco la región se va abriendo. Es estimulante, por un lado, pero triste por el otro, porque quita un poco de romanticismo salvaje, de esa sensación maravillosa de la aventura y de perderse lejos del resto del mundo.

Durante la mayor parte de los 10 000 años transcurridos antes de que Denis se instalara en la cueva, tenemos abundantes evidencias de ocupantes anteriores. El descenso por la secuencia arqueológica bien estratificada desde la superficie actual, nivel por nivel de suelo y sedimentos, revela indicios de vasijas de cerámica y artefactos de hueso, piedra y cuerno que nos hablan de la presencia de personas en la Edad Media, de hunos y sármatas y del primer pueblo con conocimientos para forjar el hierro. Al excavar a más profundidad surgen evidencias del uso del bronce. Más atrás todavía en el tiempo, vemos la llegada de los primeros agricultores, que cambiaron para siempre la forma de vida humana. Aquí vivieron humanos mientras transcurrían los milenios de devastadoras caídas de temperaturas durante el llamado Último Máximo Glacial, entre 24 000 y 19 000 años atrás, aproximadamente, y hace unos 14 700 años, cuando de forma súbita el planeta se calentó 7-10 oC en tres años por razones que aún no se explican del todo. También se aprecian evidencias de ocupación mucho antes de estos períodos. Algunos de los primeros miembros de nuestra especie, humanos anatómicamente modernos u *Homo sapiens,* vivieron probablemente aquí hace unos 40 000-50 000 años, aunque por ahora las evidencias son en buena medida circunstanciales, como veremos en el capítulo 9. Con anterioridad, los neandertales estuvieron presentes en varias ocasiones. Sabemos que los neandertales llegaron por el este a Siberia central desde el 2007, cuando los genetistas obtuvieron su ADN de un fémur hasta entonces no identificado en un yacimiento cercano de Altái, al que se puso nombre en honor del an-

tes mencionado Okladnikov, y tenemos algunos huesos neandertales en estratos arqueológicos más profundos de la propia Denísova. Pero los primeros moradores de la cueva no fueron neandertales, ni tampoco humanos como nosotros: fueron denisovanos.

¿Qué aspecto tenían los denisovanos? ¿Qué habríamos visto en ellos que los diferenciara de nosotros y/o de los neandertales? Gracias a los avances científicos, la excavación y los análisis, estamos empezando a componer una imagen de este grupo recién descubierto, nuestros nuevos primos. Como veremos, los trabajos científicos recientes han avanzado hasta el punto de permitirnos reconstruir la apariencia probable de un denisovano.

La primera persona que excavó en Denísova fue el paleontólogo ruso Nikolái Ovodov, en 1977. Le atrajo el lugar por la excepcionalidad que suponía la cueva en la región y las posibilidades de que revelara una secuencia profunda de estratos arqueológicos que abarcaran un período considerable de tiempo prehistórico. En aquella primera campaña excavó en un cuadrado de 2 × 2 m, y fue solo cuando tocó «lecho de roca», en el fondo de los depósitos, a unos 4 m de profundidad, cuando dejó de excavar.

Ovodov había descubierto una secuencia de depósitos arqueológicos que descendía hasta el Paleolítico. Las dataciones iniciales indicaron que allí vivieron humanos hace 300 000 años.

La profundidad de los depósitos y las expectativas de descubrir más yacimientos dieron lugar a nuevas excavaciones en la región, que empezaron en 1982. En esta ocasión el director de los trabajos fue el arqueólogo ruso Anatoli Derevianko, un siberiano de personalidad desbordante, simpático y muy duro. Conocí a Anatoli en Moscú en el 2008. Es uno de los arqueólogos más famosos de Rusia, director de expediciones sobre el Paleolítico en Mongolia, Kazajistán, Montenegro, Vietnam, Uzbekistán y, por supuesto, el Altái. Anatoli había llegado a lo más alto de la Academia Rusa partiendo de unos inicios modestos. El día que lo conocí vino acompañado de un ayudante que traía una pila de libros, entre ellos uno sobre su vida que describía sus logros y premios profesionales, con una bibliografía que recogía cientos de publicaciones. En la contracubierta aparecía fotografiado con Vladímir Putin y con Hillary Clinton, algo que, sin duda, lo situaba en un nivel estratosférico en el mundo de la arqueología. Me quedé impresionado; Anatoli era una *rock star* de la arqueología.

Hombre rebosante de energía y con dotes organizativas, Anatoli no solo había impulsado la continuación de las excavaciones en Denísova tras los trabajos iniciales de Ovodov, sino que también había dirigido un programa de prospecciones para localizar otros yacimientos en la región de Altái. Centró sus esfuerzos en dos grandes cuencas fluviales, una drenada por el río Anui, y la segunda por el Ursul, al sur. Sus equipos trabajaron más de veinte años para identificar y explorar yacimientos nuevos en estas zonas, y encontraron diez a cielo abierto y seis cavernarios en un área de unos 100

km^2 en la región noroccidental de Altái. Anatoli formó equipos interdisciplinares de investigadores para trabajar en la inmensa cantidad de materiales recién excavados y publicar los resultados. El Instituto de Arqueología y Etnografía de Novosibirsk en Academgorodok (Ciudad de la Academia) continuó creciendo conforme se aceleraba el ritmo de los descubrimientos.

Academgorodok es una ciudad de las ciencias a las afueras de Novosibirsk. Fundada en 1957, concentraba un gran número de instituciones donde trabajaban hasta 65 000 científicos soviéticos, para la mayoría de los cuales vivir y trabajar allí suponía un privilegio. Aunque la ciudad padeció los efectos de la perestroika y la desintegración de la Unión Soviética, con posterioridad ha experimentado una suerte de renacimiento, con cuantiosas inversiones. Cada vez que la visito la veo distinta, porque no paran de erigirse edificios nuevos. Por lo general prefiero quedarme en el pequeño museo del Instituto, que tiene tres habitaciones para huéspedes bastante austeras, antes que, en el Golden Valley, un hotel de la era soviética casi siempre vacío donde, la primera vez que me alojé, el agua «caliente» tardó treinta minutos en ponerse apenas tibia y uno tenía la sensación constante de que los espías de la Guerra Fría habían colocado micrófonos en la habitación. (Así y todo, incluso el Golden Valley ha mejorado últimamente.)

El museo contiene algunos de los tesoros excavados por los equipos de Novosibirsk durante las últimas décadas: hallazgos de cementerios mongoles y los *kurganes* o túmulos funerarios de la Edad del Bronce; fabulosas momias de hielo

escitas con tatuajes que conservan la piel y el cabello y yacen en largos tubos de metacrilato para protegerlas de la luz; y hachas de mano y hojas de pedernal del Paleolítico. Dormir pegado al corredor donde reposan estas momias en espectacular estado de conservación me produce siempre un ligero escalofrío al despertarme de madrugada: vi demasiadas películas de terror en mi adolescencia.

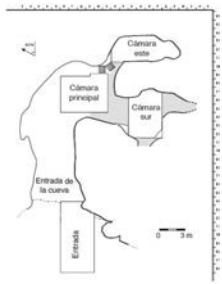


Figura 8. Plano de las distintas cámaras y zonas de excavación en la cueva de Denísova. Las áreas sombreadas en gris son las secciones de sedimentos recientes del Holoceno.

Desde mediados de la década de 1980, pero especialmente desde principios de la de 1990, Anatoli y su codirector, Michael Shunkov, excavaron con regularidad en Denísova. Inicialmente se concentraron en la cámara principal, una enorme bóveda en arco dentro de la cueva caliza que alcanza 10 m de altura y 11 × 9 m de diámetro. En 1982-1983 se excavaron los estratos superiores del yacimiento, que cubrían el período Holoceno, los últimos 10 000 años. Después, en 1984, y nuevamente en 1993-1995, 1997 y el 2016, empezaron a explorarse los depósitos inferiores.

En 1984, hacia la base de la excavación en el nivel 22 de la cámara principal, se encontró un diente humano. Era un molar de leche muy desgastado, en buen estado de conservación

y sin parecido con el diente de una persona actual; de hecho, varios miembros del equipo le encontraron similitudes con un diente neandertal. Sin embargo, como no estaban seguros, fue clasificado como un diente de humano arcaico, lo que sencillamente significa humano, pero no como nosotros. Más de treinta años después, el diente sería analizado con las técnicas más avanzadas para el análisis de ADN antiguo y quedó demostrado que pertenecía a una nueva especie de humanos: la denisovana. El diente pasó a denominarse «Denísova 2». [4] Es el resto humano más antiguo encontrado hasta ahora en la región de Altái. [5] Basándonos en el análisis genético, sabemos que el diente pertenecía a una niña que tenía de diez a doce años cuando lo perdió.

Las otras dos cámaras de la cueva fueron abiertas para la excavación con posterioridad. La cámara sur se excavó entre 1999 y el 2003, y de nuevo a partir del 2017, mientras que en la cámara este se ha trabajado desde el 2004 hasta ahora. Con los años, se han producido otros muchos hallazgos interesantes en todas las zonas de la cueva. En 1998 se encontró en las capas del Paleolítico Superior un extraordinario fragmento trabajado de cloritolita verde oscura, que se interpretó como perteneciente a un brazalete, con una probable datación de hace 35 000 y 45 000 años. Normalmente este tipo de objetos de piedra pulida se ve en el Neolítico (Nueva Edad de Piedra; ~6000-5000 a. C.), [6] un período muy posterior en que se adoptó y extendió la agricultura. El brazalete, sin embargo, apareció en niveles mucho más profundos de lo esperable, si efectivamente procedía del Neolítico, aunque con el paso de los siglos pudo haber descendido hasta niveles pa-

leolíticos más profundos por la acción del agua o de los animales, como ocurre a veces en entornos cavernarios. En cuevas como Denísova hay evidencia de animales como osos cavernarios durante buena parte de los últimos 200 000 años; a veces construyen oseras y excavan en el suelo, desplazando artefactos y evidencias arqueológicas. Sin embargo, Anatoli estaba convencido de que eso no había pasado con el fragmento de brazalete. Si es tan antiguo como ellos piensan, se trataría de un descubrimiento extraordinario y muy inesperado, que nos obligaría a reconsiderar cuándo se usaron por primera vez este tipo de útiles y con qué finalidad se empleaban.

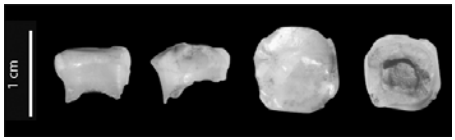


Figura 9. El diente Denísova 2, excavado en 1984 en la cámara principal.

Uno de los aspectos más interesantes del material óseo encontrado hasta ahora en Denísova es su fragmentariedad. En torno al 95 por ciento de los huesos se hallan tan fragmentados que no pueden adscribirse a una especie animal, y mucho menos a un humano. Esto se debe probablemente a la presencia en la región del principal depredador prehistórico, la hiena, pero también a osos y lobos. Las hienas tienen unas mandíbulas poderosísimas y son capaces de masticar y digerir huesos. En Denísova encontramos a menudo huesos con roeduras o marcas de masticación, y en muchos casos con superficies perforadas por la acción de los ácidos gástricos de los animales. De vez en cuando las hienas comen trozos de astas de ciervo; los ácidos estomacales corroen las puntas,

que una vez defecadas y depositadas en el yacimiento arqueológico, acaban pareciendo puntas de lanzas elaboradas por humanos. [7]

Asombra pensar que las hienas se extendieron en otro tiempo por gran parte de Eurasia cuando hoy las consideramos un animal exclusivamente africano. Las hienas euroasiáticas se identifican taxonómicamente como *Crocuta spelaea*, o *Crocuta crocuta spelaea*, lo que en traducción aproximada significa «hiena cavernaria», por su propensión a vivir en madrigueras y parir en cavernas. Parece que las hienas se dividen en dos grupos principales o clados, uno en Europa y otro en oriente, por la zona de Altái. [8] Es frecuente encontrar evidencia de hienas en las mismas cuevas que ocupaban los humanos. Esto significa, casi con total certeza, que competían por las cuevas. Imagino lo terrible que sería para un cazador-recolector de la Edad de Piedra llegar a una cueva tras un período de ausencia y adentrarse en la oscuridad para comprobar si había osos o hienas viviendo o hibernando en el interior.

Hubo otros carnívoros en Eurasia que hoy también consideraríamos africanos. Por todo el continente se encuentran evidencias de leones y leopardos cavernarios, así como de rinocerontes, pero lanudos. Estas especies ya no existen, pero todavía se está investigando cómo y por qué desaparecieron o se redujo su número en estas regiones. Las explicaciones más comunes tienen que ver con el cambio climático y el impacto de la caza humana; quizá se debió a una combinación de ambas causas.

La secuencia profunda de Denísova, que consta de 22 estratos de depósitos arqueológicos, ha revelado la cambiante fortuna de las gentes que vivieron allí durante más de 300 000 años: lo que comían, las herramientas que fabricaban, cuándo estuvieron allí y cómo era el clima. Los miles de huesos de animales excavados nos dicen mucho sobre el clima en aquella zona, porque algunas especies son sensibles a medios específicos. [9] Ciertos animales, como los venados, solo habitan en climas templados, mientras que otros, como los mamuts, los rinocerontes lanudos y los renos, podían soportar fácilmente climas más fríos. Algunos de los animales encontrados prefieren paisajes de estepa abierta, y otros, zonas más arboladas. El análisis de los granos de polen hallados en los sedimentos es también muy revelador, puesto que permite a los científicos verificar la naturaleza cambiante de la vegetación de la zona, sensible a las variaciones climáticas locales. Y lo indudable es que estos cambios del clima han sido espectaculares en los últimos 300 000 años, y tuvieron que influir decisivamente en los humanos y su forma de vida.

¿Cómo podemos reconstruir la naturaleza de estos cambios climáticos y determinar si fueron violentos o benignos? Por suerte disponemos de varios registros globales del cambio climático en ese período, que proceden de las variaciones en las ratios de isótopos de oxígeno medidos en sedimentos de mar abierto y en las capas anuales de hielo en los polos. Hay dos tipos principales de isótopos de oxígenos, ^{16}O y ^{18}O, diferenciados por dos neutrones adicionales en el núcleo que convierten a ^{18}O en el más pesado de los dos. La evaporación del agua del mar favorece al isótopo más ligero, y por eso

llega más ^{16}O a la atmósfera, lo que provoca el enriquecimiento progresivo del agua del mar con ^{18}O. A estos cambios en las proporciones isotópicas relativas los denominamos «fraccionamiento». Los diminutos organismos con concha llamados foraminíferos registran fielmente las ratios de estos dos isótopos de oxígeno durante sus períodos vitales; cuanto más caliente sea su medio, más oscilará su ratio de isótopos hacia ^{18}O. Cuando mueren, caen al fondo del mar y se incorporan al lodo del sedimento marino. Pasados miles de años este sedimento forma un registro estratigráfico. Los científicos pueden perforar hasta estos sedimentos, sacar un núcleo, extraer los foraminíferos y medir los cambios en sus isótopos a profundidades crecientes. También podemos datarlos, creando así un registro de paleotemperaturas marinas.

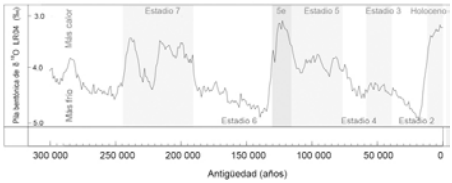


Figura 10. Registro del cambio climático en los últimos 300 000 años basado en las variaciones isotópicas del oxígeno en foraminíferos marinos. Cuanto más alto sea el pico, mayor será la temperatura.

Cuando el agua de lluvia evaporada se enfría al desplazarse hacia latitudes más altas de la Tierra, se condensa. De igual modo que el agua que contiene ^{16}O tiene más probabilidades de evaporarse en el océano, es más probable que el ^{18}O del agua se condense para formar lluvia o nieve. Esta diferencia se incrementa a temperaturas más bajas, y por eso la composición isotópica de oxígeno de la nieve y el hielo en las regiones polares proporciona un registro de las tempera-

turas en los polos, con más oxígeno 18 en períodos de climas más fríos en comparación con épocas más templadas. Igual que en el medio marino, los científicos han perforado las capas anuales de los bancos de hielo —más de 3000 m en algunos de los núcleos profundos recientes— llegando hasta el lecho de roca de Groenlandia. Midiendo las ratios de isótopos de oxígenos en el CO_2 contenido en estas capas de hielo, han creado un registro de los cambios de temperatura que abarca 125 000 años. En el Antártico el registro es incluso más largo: por lo menos 800 000 años.

Estas diversas fuentes de evidencia ayudan a comprender cómo cambió el clima y el medio en Denísova durante períodos largos. A veces las condiciones eran similares a las del presente o incluso más templadas, y los bosques de frondosas se extendieron por el Altái (como en el estadio 5e de la figura 10). Los primeros denisovanos que llegaron a la cueva disfrutaron de estas mismas condiciones durante el estadio 7. En otros períodos, sin embargo, el tiempo era gélido, con condiciones glaciales. Los bosques desaparecieron y fueron reemplazados por plantas típicas del frío de la taiga o de medios esteparios, con presencia de animales como lemmings y renos. A veces los cambios climáticos se produjeron a velocidades aterradoras. Las evidencias obtenidas en Groenlandia indican que las oscilaciones en el sistema climático ocurren a escala milenaria, con incrementos espectaculares de temperaturas en solo dos o tres años.

Podemos determinar qué especies preferían cazar los moradores de Denísova analizando cuidadosamente las marcas de corte y despiece en los huesos excavados en el yacimien-

to. Denísova se encuentra justo en la entrada de una estrecha garganta. Cuando los animales se desplazan por un paisaje buscando nuevos pastos o migrando, estas angosturas pueden ser sitios atrayentes para los cazadores, y por eso Denísova era un territorio privilegiado para los humanos. La amplia variedad de útiles líticos y artefactos aquí encontrados denota la existencia de madera procesada por humanos y de pieles y fibras vegetales tratadas en tiempos del Paleolítico. Después, en las capas superiores de los niveles paleolíticos, hace más de 45 000 años, aparecen herramientas y artefactos con fines decorativos. Por ejemplo, se identifican con periodicidad pequeñas cuentas perforadas hechas con cáscara de huevo de avestruz que pudieron servir para decorar la ropa o ensartarlas en collares. Igual que la hiena, el avestruz se hallaba mucho más disperso en el Pleistoceno [10] o Edad de Hielo, y ha quedado demostrado que probablemente desapareció de Eurasia hace 10 000-12 000 años. Los primeros humanos recolectaban sus huevos y los usaban para elaborar joyas; en Siberia, Mongolia y Asia central hemos encontrado cáscaras de huevos de avestruz de hace 40 000 años.

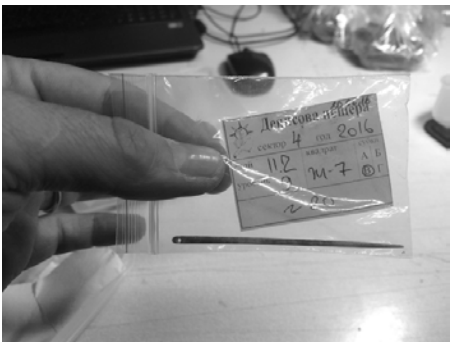


Figura 11. El autor sostiene una bolsa de plástico con los restos recién excavados de una aguja de hueso perfectamente conservada de la cueva

El equipo de Denísova ha encontrado también dientes perforados de zorros y renos, bisontes y ciervos, usados asimismo con fines decorativos. Ha aparecido un fragmento de anillo con doble perforación hecho con el marfil de un colmillo de mamut, huesos tubulares de aves con incisiones (ignoramos con qué finalidad), anillos de mármol y agujas de hueso, ideales para coser y quizá confeccionar prendas de piel, polainas y botas. Yo estaba en la cámara principal en el 2016 cuando un miembro del equipo de investigación encontró una aguja de hueso completa de 7,5 cm de largo. Es una experiencia emocionante sostener un objeto recién excavado, tan delicado y hermoso, hecho probablemente hace 35 000-40 000 años. Con frecuencia me imagino el tiempo transcurrido desde que lo sostuvo la última persona que lo usó en el pasado remoto, en términos de generaciones humanas, como una manera de concebir el tiempo que nos separa. Si ciframos lo que dura una generación humana en unos veintidós o veintitrés años, entonces desde aquellos tiempos han vivido y muerto más de 1700 generaciones. Pienso en las personas que fabricaron estos objetos, en sus familias, hijos y abuelos, y en cómo estaban organizadas sus vidas cotidianas.

¿Qué pensaban? ¿Qué esperanzas y sueños tenían? ¿Qué hacían para sobrevivir en medio de los colosales cambios climáticos y ambientales que han caracterizado buena parte de los últimos 100 000 años? Últimamente he empezado también a preguntarme qué clase de humanos pudieron haber fabricado esos objetos. Por lo general, los consideramos obra de nuestra propia especie, *Homo sapiens*, pero, como vere-

mos en este libro, toda esta cuestión está envuelta todavía en una incitante oscuridad.

En julio del 2008, en la cámara este de Denísova, uno de los excavadores de la cueva encontró un huesecillo. Anatoli Derevianko y Michael Shunkov creyeron que podría tratarse de un diminuto vestigio de un humano anatómicamente moderno. El hueso es la punta del meñique, probablemente de una persona de unos trece años de edad. A este hueso lo llamamos hoy «Denísova 3» o «Denisovano de Altái».

Al año siguiente, una pequeña subsección de este hueso viajó hasta Alemania, al Instituto Max Planck de Leipzig, donde se extrajo su ADN. La genómica ha experimentado una revolución en los últimos veinte años. Exploraremos lo que esto significa para la arqueología y para restos humanos minúsculos como Denísova 3 en el capítulo 5. Pero primero quiero introducir los aspectos fundamentales de la revolución genética, cómo funciona y qué puede decirnos sobre el pasado arqueológico más remoto.

Capítulo 4

La revolución genética

El ADN antiguo o genómica ha irrumpido en el campo de la evolución humana, revolucionando la arqueología y proporcionando conocimientos sobre el pasado que han provocado un seísmo en nuestro modo de entenderlo. He tenido la suerte de ser testigo presencial del momento en que la ciencia del ADN antiguo empezó a progresar y también del paulatino ensanchamiento de su aplicación. Esto coincidió con mi llegada a Oxford, donde conocí a los miembros del equipo del Centro Henry Wellcome de Biomoléculas Antiguas, con quienes trabajé y pude seguir de cerca la evolución de esta ciencia. En este capítulo pretendo introducir algunos conceptos bastante complejos, que en ciertos momentos podrían ser algo difíciles de asimilar; pero es importante entender, al menos, los rudimentos de la genómica, que además resultarán de utilidad para leer el resto del libro. Espero que al final de este capítulo, si hablo de cuántos SNP se identificaron en un genoma antiguo, el lector sepa al instante lo que quiero decir.

A finales de la década de 1980, recuerdo haber tenido noticia por primera vez de las posibilidades que abría la extrac-

ción de ADN antiguo de huesos humanos para su posterior análisis. Al principio, los resultados parecían increíbles, y en ocasiones casi demasiado buenos para ser ciertos, [1] como lamentablemente quedó demostrado en algunos casos. Con frecuencia, los genetistas que trabajaban con huesos los habían contaminado inadvertidamente con ADN humano moderno, y por tanto habían obtenido datos carentes de valor. En algunos casos, se demostró que las secuencias de ADN no tenían orígenes antiguos, sino que procedían de bacterias del piso del laboratorio. Se instó a mejorar sustancialmente los protocolos de laboratorio para evitar la publicación de resultados cuestionables. [2] Varios colegas de este campo me dijeron que creían que nunca sería posible extraer con fiabilidad ADN antiguo de humanos debido a estos problemas de contaminación; incluso tocando un instante un hueso con los dedos, se decía, la contaminación penetraría hasta el mismo centro. Mi colega Roger Jacobi, ya fallecido, lamía a veces discretamente los huesos para comprobar si habían sido conservados o pegados antes de que tomáramos muestras para la datación radiocarbónica. Curiosamente, en la década de 1850 era habitual lamer los huesos porque se consideraba un método ensayado y fiable de datarlo. Un hueso antiguo se pega a la lengua, al contrario que uno moderno, y por eso muchos científicos lamían habitualmente los huesos para verificar su antigüedad. El ejemplo más famoso de esta práctica fue el intento de datar al primer neandertal, el espécimen de Feldhofer en Alemania, al que conocimos en el segundo capítulo. [3] Además de las lameduras, hay que pensar en las muchas personas de las excavaciones y museos que habrían to-

cado directamente los huesos, dejándolos contaminados para siempre. [4] El problema con que debían lidiar los investigadores era cómo autentificar el ADN extraído para confirmar que era genuino y que no procedía de una fuente contaminada.

Por fortuna, durante los últimos años las cosas han cambiado radicalmente y el panorama se presenta mucho menos sombrío. Los científicos han ideado maneras ingeniosas de eliminar los contaminantes y los fragmentos de ADN derivados de otros organismos como microbios o bacterias, y de seleccionar solo el ADN endógeno, o nativo, para su análisis. Al extraer el ADN es de importancia capital extremar los cuidados para garantizar un medio limpio. Los laboratorios están construidos con «presión positiva» para que no entre aire del exterior cuando se abre una puerta. Los científicos hacen también todo lo posible por llevar ropa protectora para asegurarse de no contaminar las muestras de huesos y dientes con su propio ADN. Al visitar un laboratorio aséptico es obligado llevar protectores de calzado o zapatillas que solo estén permitidas en el laboratorio, así como un EPI (equipo de protección individual) completo. Nuestros cuerpos desprenden abundante ADN, y por eso es fundamental mantenerlos apartados de las muestras vitales. El empeño casi patológico de varios laboratorios —entre ellos el más importante para nuestra historia, el Instituto Max Planck de Leipzig— por superar el persistente problema de la contaminación es uno de los motivos fundamentales por los que ahora podemos extraer ADN humano antiguo con garantías demostrables de autenticidad.

Los genetistas han resuelto también cómo extraer ADN con evidencias de haber sido «dañado» o químicamente alterado con el paso del tiempo, demostrando así que es antiguo y no proviene de ADN moderno y contaminado.

Para entender cómo funcionan estos métodos de descontaminación y extracción debemos entender previamente los conceptos básicos del propio ADN. La molécula de ADN es como una escalera de caracol. Los planos verticales de la escalera están formados por moléculas intercaladas de ácido desoxirribonucleico y fosfatos. Los travesaños los forman las llamadas bases de ADN, o nucleótidos: adenina (A), siempre emparejada con la timina (T), y guanina, siempre emparejada con la citosina (C). Con el tiempo, algunas partes de los travesaños de la escalera experimentan una modificación química. La base de adenina del ADN, por ejemplo, puede convertirse químicamente en uracilo, que, cuando el ADN se replica, pasa a emparejarse con la adenina y no con la guanina. La frecuencia de estos uracilos en el ADN guarda una estrecha correlación con el tiempo: cuando más antiguo sea el hueso, más sustituciones de uracilo tendrá. Cuando las secuencias de ADN se leen en el laboratorio, la enzima usada para traducir la secuencia leerá una T frente a aquella A, en vez de la G con que la citosina suele emparejarse. [5] En la secuencia, por tanto, C ha cambiado químicamente, como por arte de magia, a una T. Estas sustituciones de C por T dan como resultado una proporción más alta de T al final de cada escalera de ADN. Suena lioso, pero es de capital importancia porque esta mayor proporción hace muy probable que esas cadenas de ADN sean en realidad antiguas y, por tanto, no

contaminadas por ADN moderno. Los genetistas pueden separar físicamente en el laboratorio las moléculas de ADN que tienen altos recuentos influidos por los uracilos, sabiendo que estas son las moléculas antiguas y no las contaminantes. [6]

Asimismo, es mucho más probable que el ADN antiguo conste de secuencias cortas de parejas de bases que no de secuencias muy largas. Esto se debe a que las cadenas de bases más largas tienen mayor probabilidad de derivar de ADN moderno y ser, por tanto, un contaminante, mientras que las secuencias más cortas lo son por la antigüedad y la degradación. Identificar esto ha permitido a los investigadores centrarse en la eliminación de las secuencias contaminantes más largas de ADN antes del análisis.

Existen otros trucos químicos para eliminar los contaminantes y obtener ADN original o endógeno, por ejemplo, el uso de tratamientos limpiadores químicos como la lejía en los huesos antes de la extracción de ADN. [7] Gracias a estos y otros cambios, desde más o menos el 2003 hemos podido extraer de huesos humanos secuencias de ADN con antigüedad demostrable (debo decir que mis colegas antes escépticos están encantados de haberse equivocado).

El segundo avance decisivo en genómica antigua ha sido la invención de instrumentos secuenciadores potentes que permiten secuenciar con fiabilidad el código genético a escala casi industrial.

En la década de 1990 los científicos usaban principalmente un método llamado PCR, acrónimo en inglés de «reacción en

cadena de la polimerasa», que todavía se utiliza hoy; de hecho, en los test realizados en el 2020 por la pandemia de COVID-19 se empleó este método para detectar el ADN asociado con el virus. Es una técnica que permite copiar pequeños fragmentos de ADN usando un tipo de enzima denominada polimerasa, que incrementa o amplifica pequeños pedazos de ADN para facilitar su análisis. Esta técnica fue revolucionaria; no en vano a sus inventores, Kary Mullis y Michael Smith, se les concedió el Nobel de Química en 1993. [8] Con este método se puede replicar, o amplificar, grandes cantidades de ADN una y otra vez. Las polimerasas usan el ADN antiguo como plantilla para sintetizar una copia nueva. La copia se obtiene de nuevos nucleótidos (o bases) que son ensamblados por la polimerasa partiendo de los llamados «cebadores», cadenas cortas de ADN (unas 20 bases) que quedan unidas al extremo de una parte del fragmento del ADN antiguo. La polimerasa, al modo de una cremallera, toma las bases libres de ácidos desoxirribonucleicos que son añadidos en tubos de ensayo y los une químicamente a los fragmentos de ADN, en secuencia y uno a uno, amplificando así la cantidad de ADN.

ESQUEMA DE LA REACCIÓN EN CADENA DE LA POLIMERASA

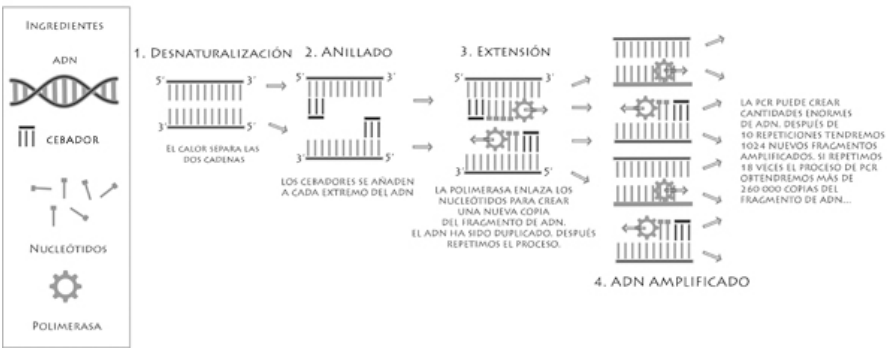


Figura 12. Esquema de la reacción en cadena de la polimerasa.

Esto por lo que se refiere a la amplificación; pero ¿cómo se extrae la secuencia conocida de nucleótidos, la A, T, C, G, o adenina-timina y citosina-guanina, el código de ADN que forma la doble hélice —conocida como el árbol de la vida— *y* se le da sentido? Para entenderlo hay que entender primero la secuenciación, y para eso debemos remontarnos a 1977 y a la invención de la primera tecnología de secuenciación por el Premio Nobel Frederick Sanger. [9]

La manera en que se construye la secuencia precisa de letras en el ADN depende de un ingenioso método para detener la PCR en el punto exacto que corresponde a la base que se quiere leer. La reacción se interrumpe añadiendo un tipo diferente de ácido desoxirribonucleico incapaz de formar una cadena química con la siguiente base de la secuencia; son los llamados didesoxinucleótidos o ddNTP.

Los fragmentos de ADN amplificado se dividen igualmente en cuatro tubos de ensayo, cada uno de los cuales contiene ácido desoxirribonucleico con adenina, timina, guanina o citosina. Después cada tubo de ensayo recibe un único tipo de los respectivos ddNTP, o nucleótidos que ponen fin a la cadena. De esta manera, el primer tubo de ensayo solo contiene un ddNTP con adenina, el segundo un ddNTP con citosina, y así sucesivamente. En el primer tubo de ensayo, por tanto, la replicación de ADN continúa hasta que la reacción se detiene en el punto en que se añade un ddNTP específico con base etiquetada a la secuencia de ese fragmento de ADN. Al final quedan cuatro tubos de ensayo con fragmentos de ADN de longitud variable que terminan en cada lugar donde

se tiene una base de adenina, timina, guanina o citosina en la secuencia.

Para determinar en qué posición se sitúan ahora estas bases en la secuencia total de ADN, es necesario cuantificar el tamaño de cada fragmento, y para ello usamos la siguiente fase del proceso de Sanger, que es la electroforesis. Esta técnica designa el movimiento de distintas partículas dentro de un líquido sometido a una descarga eléctrica constante; en este caso el líquido es un gel llamado «poliacrilamida». El contenido de cada uno de los cuatro tubos de ensayo se añade al gel en cuatro carriles diferentes, y después se aplica una descarga. Poco a poco el ADN se desplaza por cada canal desde el polo positivo al negativo del campo electrificado. Cuanto más pequeños y ligeros son los fragmentos, más lejos viajan, pero cuando se detienen crean bandas visibles. En el primer carril de gel están los fragmentos que se detienen con las A; en el segundo, solo las C; después las G, y, por último, en el cuarto carril, las T. Una vez completada, la secuencia de bases puede leerse de abajo arriba, por orden de masa, y después colocarse en el orden correcto según su base emparejada conocida. A partir de aquí se obtiene la secuencia de ADN: AGTTCAGCATAGA, etc. Este fue el método usado para obtener el genoma humano en el ambicioso Proyecto Genoma Humano que duró una década y costó 3000 millones de dólares.

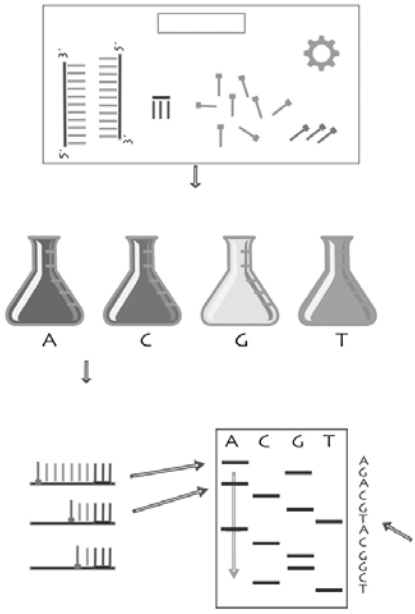


Figura 13. Esquema de la secuenciación de Sanger.

Aun siendo una invención brillante, la PCR presenta algunos inconvenientes, en particular para el ADN antiguo. Además de amplificar el antiguo ADN, también amplifica el ADN contaminador, de igual manera que el abono que se añade al jardín mejora las rosas y al mismo tiempo las malas hierbas. Esta fue la mayor limitación a la hora de analizar los segmentos de ADN extraídos de huesos y dientes en aquellos primeros años.

Los avances posteriores en la tecnología de la secuenciación trajeron aparejados cambios significativos y han modificado las reglas del juego en el mundo del ADN antiguo. La compañía biotecnológica estadounidense 454 Life Sciences se situó a la vanguardia de esta revolución. Se cuenta que la idea de mejorar la secuenciación de ADN se le ocurrió a su director general, Jonathan Rothberg, cuando uno de sus hijos

enfermó con dificultades respiratorias. Rothberg se sintió frustrado porque los médicos no pudieron diagnosticar con rapidez suficiente si la enfermedad de su hijo era o no congénita. La obtención de un genoma completo podría revelar la razón. Mientras leía una revista en el hospital, Rothberg reparó en una fotografía del nuevo microprocesador Pentium de Intel que venía en la portada. Decidió que el aceleramiento de la secuenciación trabajando con numerosos fragmentos de ADN, paralelamente a un mayor poder de procesado, era la manera de mejorar el análisis genético, y por eso fundó 454 Life Sciences, cuyo objetivo era acelerar la velocidad de secuenciación. Posteriormente, 454 sería un socio clave del Proyecto Genoma Neandertal, concebido para secuenciar el genoma nuclear. [10] Rothberg ganó cantidades inmensas de dinero con estos trabajos de investigación y con otras aventuras científicas. Parte de su fortuna la empleó en reconstruir Stonehenge en su casa de Long Island; bautizado como el «Círculo de la Vida», está hecho con 700 toneladas de granito noruego importado.

Las técnicas de secuenciación más recientes de compañías como 454 aceleraron el proceso, multiplicando por cien su velocidad. Hay varias diferencias decisivas con respecto al método de Sanger. La primera es la mejora de los procesos químicos. A ambos extremos de los fragmentos cortos de ADN de la muestra se les añaden unos llamados «adaptadores», que permiten a la máquina de secuenciación reconocer el principio y el final de cada fragmento de ADN. La secuenciación se realiza en una bandeja pequeña, bastante parecida al portaobjetos de cristal de un microscopio, que tiene cente-

nares de pocillos dentro de los cuales hay bolitas de resina con una secuencia complementaria que llega hasta los adaptadores, lo que permite fijarlos al adaptador en un extremo de cada fragmento de ADN y mantenerlos en su lugar. Después, se añaden secuencialmente oleadas de compuestos que contienen las bases de nucleótidos: primero las A, luego las C, después las G, luego las T, y, del mismo modo que en la secuenciación de Sanger, se enlazan las bases una por una a la secuencia de ADN usando la polimerasa. Una diferencia fundamental, sin embargo, consiste en que el paso de la electroforesis se suprime mediante un método llamado «pirosecuenciación», que permite detectar las bases con mucha mayor eficiencia. Cuando se logra añadir un nucleótido, se libera pirofosfato que es convertido químicamente en un pequeño destello de luz. Una cámara muy precisa detecta cada destello en la bandeja y, midiendo la intensidad de la luz, registra qué tipo de base se ha unido a la secuencia. De esta manera el proceso de secuenciación es rápido y continuo. [11]

Con estas técnicas podían leerse decenas de millones de bases al día. El método, con sus modificaciones posteriores, se conoce como «secuenciación de siguiente generación», o NGS, y ha dado un impulso extraordinario a la aplicación de métodos de ADN antiguo al pasado arqueológico. Nuevas y mejoradas plataformas de secuenciación, desarrolladas por compañías como Illumina, ofrecen opciones cada vez más rápidas y automatizadas. En vez de utilizar caras enzimas, estos secuenciadores registran hoy la base añadida a la secuencia utilizando un tinte correspondiente a esa base, y cuyo color pueden leerlo rápidamente cámaras digitales de alta reso-

lución. En lugar de un genoma cuya secuenciación tarda diez años, como el genoma humano original, esto puede hacerse ahora en una sola secuenciación que dura solo uno o dos días. El ADN antiguo, sin embargo, es mucho más complicado, porque suele estar muy fragmentado y, por consiguiente, los pedazos de ADN son más cortos y la secuenciación lleva más tiempo.

Ahora que conocemos la tecnología de la secuenciación, necesitamos entender el tipo de información que puede proporcionar el ADN de los huesos antiguos.

Los huesos humanos contienen dos archivos principales de información genética. El primero es el ADN mitocondrial (ADNmt), como se denomina a los pequeños cromosomas circulares que se encuentra en las mitocondrias, las partes generadoras de energía de las células. El segundo es el genoma nuclear, que se encuentra solo en el núcleo de la célula; este es ADN diploide o de doble cadena, que significa que recibimos la mitad del ADN de nuestra madre y la otra mitad de nuestro padre. Este genoma nuclear es producto de sucesivas mezclas generación tras generación, en un proceso llamado «recombinación». En el ADN nuclear conservamos, por tanto, un registro no solo de nosotros, sino de vastas porciones de nuestra propia historia genética, puesto que los naipes de la información genética se cortan y barajan de nuevo generación tras generación en su camino hasta nosotros. Un solo genoma nuclear, en consecuencia, transmite una increíble cantidad de información relativa a la historia

profunda de la población. El ADN mitocondrial, por otra parte, nos llega de nuestra madre, que lo recibe de su madre, que lo recibe de su madre, y así hacia atrás. El tamaño mucho mayor del genoma nuclear comporta que proporcione muchísima más información que el ADN mitocondrial. Mientras que el genoma mitocondrial, o mitogenoma, consta de unas 16 500 parejas de bases de información, el genoma nuclear es casi 200 000 veces mayor, con la mareante cantidad de 3200 millones de parejas de bases.

Como es difícil hacerse idea de la magnitud de esta última cifra, imaginemos, para que nos sirva de ayuda, que decidimos escribir un libro que contenga todas las parejas de bases de la secuencia de A, C, G, T de una persona, en orden, desde el principio hasta el final. Suponiendo que pudiéramos meter 2000 letras en una sola página, necesitaríamos 1,6 millones de páginas de texto, y si cada libro tuviera 500 páginas, necesitaríamos 3200 libros para obtener el genoma íntegro. En comparación, un genoma mitocondrial de datos ocuparía poco más de ocho páginas. Conviene señalar, sin embargo, que hay inmensas cantidades del genoma nuclear que parecen transmitir escasa información; es el llamado a veces ADN «basura». [12] Una gran porción la comparten muchas especies, y por eso los genetistas se concentran en las regiones variables denominadas «polimorfismos de nucleótido único» (SNP), que proporcionan mucha más información en razón de su variabilidad entre personas y grupos diferentes. A menudo se oye decir que los genetistas han secuenciado 250 000 SNP para comparar genomas humanos diferentes, y con esto se hace referencia a esas secciones variables del có-

digo genético. Las compañías comerciales de secuenciación de ADN secuenciarán varios cientos de miles de SNP de cualquier cliente que les pague.

Es necesario dedicar unas últimas palabras al análisis de los datos generados de toda esta secuenciación. Las secuencias de letras en el ADN pueden compararse con otras secuencias para sondear las diferencias y su significado; esto se llama «alineamiento de secuencias». Las letras del código secuenciado se colocan en hileras, y después se pueden añadir debajo otras hileras para compararlas. Cuando se alinean correctamente, se hacen visibles las diferencias entre las secuencias en puntos específicos de las líneas de letras. Estas pueden reflejar mutaciones de puntos (un lugar donde una base ha cambiado por efecto de una mutación), o deberse a inserciones o deleciones *(indels)* del código de ADN, cuyo tamaño puede oscilar entre 1 y 10 000 bases de largo. Estas pueden derivar de mezclas o cruzamientos, por ejemplo, con otra especie emparentada. Se requieren poderosos algoritmos matemáticos para ayudar a sondear las secuencias de alta cobertura de ADN que se extraen y comparan con otras secuencias para determinar la relevancia de las diferencias.

Desde el 2013 el número de genomas humanos provenientes del registro arqueológico se ha multiplicado exponencialmente gracias a la revolución de la secuenciación de segunda generación (véase la figura 14). Esta ciencia está realizando grandes aportaciones a la arqueología porque permite que la secuenciación se vuelva cada vez más rutinaria.

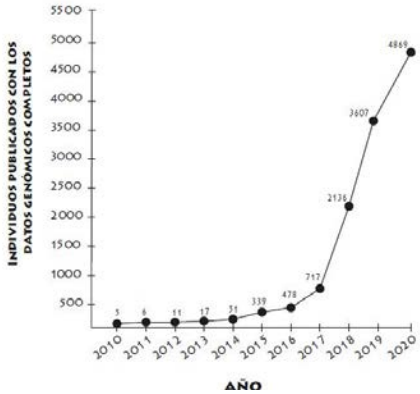


Figura 14. Aumento del número de genomas humanos antiguos publicados en la última década, 2010-2020 (nótese que las cifras del 2020 corresponden solo a los primeros seis meses del año; datos por gentileza de David Reich en comunicación personal).

En el 2010 fui coautor del primer artículo sobre el llamado «genoma humano completo» de la secuencia de ADN de un groenlandés antiguo apodado «Inuk». [13] El director del trabajo fue Eske Willerslev en Copenhague. Fue tal el impacto de este artículo que lo publicó la prestigiosa revista científica *Nature* y apareció en portada. Ocho años después fui coautor de otro artículo en *Nature* sobre la genómica de los pueblos de la cultura de los vasos campaniformes en la Europa de la Edad del Bronce, que recogía más de 400 genomas humanos antiguos. [14] Nadie podría haber predicho que en tan poco tiempo estaríamos manejando cifras tan ingentes de conjuntos de datos genéticos; pero así ha ocurrido, y aparentemente en un abrir y cerrar de ojos.

El impacto de la genética ha sido particularmente profundo en los hallazgos de la cueva de Denísova, que de ser una cueva más del Paleolítico en un rincón de Siberia se ha convertido en uno de los yacimientos arqueológicos más famo-

sos del planeta, del que hoy hablan todos los prehistoriadores. Los adelantos tecnológicos que hemos descrito condujeron de forma directa, y en muchos casos inevitable, al descubrimiento de una nueva especie humana, como veremos en el capítulo siguiente. Los arqueólogos llevaban décadas esperando estos avances en el análisis del ADN; su paciencia estaba a punto de verse recompensada.

Capítulo 5

Una nueva especie humana

El viernes 4 de diciembre del 2009, en el laboratorio de genética del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva de Leipzig, primero del mundo en su campo, sucedió algo extraordinario.

Un joven científico llamado Johannes Krause, investigador de posdoctorado, y Qiaomei Fu, estudiante de doctorado, estaban secuenciando ADN de una minúscula muestra de hueso (7 × 5 mm) procedente de un meñique humano. El hueso pertenecía al mismo espécimen que había aparecido en el 2008 durante la excavación de los sedimentos del estrato 11.2 de la cámara este de la cueva de Denísova, del que se ha hecho breve mención al final del capítulo 3. Por su posible relevancia, un arqueólogo ruso se lo había entregado en mano al supervisor de la tesis doctoral de Johannes, Svante Pääbo, director del Departamento de Genética Evolutiva del Max Planck, coordinador del Proyecto Genoma Neandertal y pionero en el campo del ADN antiguo. Después de extraer y secuenciar el ADN mitocondrial, Krause alineó la secuencia del ADNmt de Denísova frente a seis de los ADNmt neandertales que el grupo de Pääbo había secuenciado previa-

mente, así como cientos de ADNmt humanos modernos que había estudiado en personas vivas.

Fue entonces cuando advirtió algo inhabitual.

Mientras que los neandertales se diferencian de los humanos modernos en un promedio de 202 posiciones de bases en las 16 500 parejas de bases del genoma mitocondrial, la muestra de la cueva de Denísova difería en 385 posiciones, casi el doble. Esto solo podía significar una cosa: Krause debía de tener entre manos algo completamente distinto. Un nuevo tipo de hominino de los llamados «arcaicos», no un neandertal ni un humano como nosotros; algo nunca visto con anterioridad. Fue, recuerda Krause, un momento trascendental e inolvidable. Inmediatamente llamó por teléfono a Pääbo, que asistía a un congreso lejos del laboratorio, para darle la noticia. Antes de soltar su bomba, Krause le dijo a Pääbo que haría bien en sentarse. [1]

En el mundo de la ciencia es raro encontrar un grupo de humanos nunca vistos hasta entonces, pero nadie había descubierto jamás algo semejante en un laboratorio. En antropología, por lo habitual, este tipo de momentos quedan reservados para el trabajo de campo, cuando la paleta saca a la luz la mandíbula de un hominino antiguo o cuando los arqueólogos que están prospectando un yacimiento en el valle del Rift africano se tropiezan con un fragmento de fósil humano o con un esqueleto parcial. Krause evoca el momento como «el día más emocionante de mi vida como científico». Pääbo recuerda que se quedó estupefacto al enterarse, pero

muy emocionado, y que regresó a escape a Leipzig para comentar los resultados con Krause y el resto del equipo.

En la taxonomía científica, al poner nombre a una especie nueva es costumbre contar con un holotipo, término que designa al espécimen tipo, es decir, al ejemplar al que todo el mundo se referirá en lo sucesivo para aludir a la especie, como ocurre con el neandertal de Feldhofer. Con frecuencia estos holotipos son descritos con gran emoción y alharacas en las principales revistas académicas. Pero aquí no había holotipo, solo el resto minúsculo de la falange designado como «Denísova 3». ¿Qué se podía hacer?

Pääbo y Anatoli Derevianko, junto con el resto del equipo, decidieron en un principio dar a la nueva especie el nombre de *Homo altaiensis*, y así lo consignaron en el texto preliminar que enviaron a *Nature.* Algunos revisores del artículo, sin embargo, abrigaban dudas sobre si era acertado basarse en datos genéticos para nombrar una especie nueva. ¿Y si después resultaba que habían secuenciado una especie taxonómicamente ya definida, como el *Homo erectus*? En vista de esa objeción, decidieron retirarlo hasta que la situación se aclarara y referirse al espécimen como un «hominino desconocido». [2] Pääbo y Krause declararon una y otra vez que cualquier conclusión definitiva sobre la consideración de la especie tendría que esperar hasta que se investigara el genoma nuclear, que aportaría muchísima más información. Y esto era un condicionante de peso porque acarreaba complicaciones técnicas mucho mayores.

El trabajo se publicó en *Nature* el 24 de marzo del 2010. [3] Fue una revelación sensacional, de eso no cabe duda. Recuerdo haberlo leído varias veces, maravillado de que alguna vez hubiera existido otro grupo humano en algún lugar de Eurasia. ¿Cómo podía ser que los arqueólogos lo desconocieran? ¿Sería verdad? Seguramente habríamos encontrado los huesos de este primo humano con anterioridad. Las palabras de Svante Pääbo en aquella ocasión reflejaron fielmente mis pensamientos: «Casi no me lo podía creer. Parecía demasiado fantástico para ser cierto».

El día que se publicó el artículo envié un correo electrónico a mi padre para contarle la noticia. Dijo que era «impresionante [...] lo incluiré en mis clases de nivel 1». ¡Eso quería decir que era algo tremendo!

Tras la publicación del artículo, el equipo de investigación de Pääbo empezó a referirse al espécimen como «Mujer X». Decidieron que debían empezar la ardua tarea de secuenciar el ADN nuclear del huesecillo para que ocupara el lugar que le correspondía dentro del conjunto de homininos prehistóricos hasta entonces conocido.

Más entrado el año, el 24 de agosto del 2010, recibí un correo electrónico de Magdalena Skipper, directora de *Nature*, en el que me preguntaba si quería ayudar a reseñar un artículo que acababan de recibir. Por lo habitual, un artículo para *Nature* contiene material estimulante y novedoso, así que mi interés por el asunto se despertó al instante. El autor principal del trabajo era un tal David Reich de la Universidad de Harvard, un nombre para mí desconocido, y tenía que

ver con Denísova. El resumen adjunto al cuerpo del correo decía lo siguiente:

> Utilizando ADN de una falange encontrada en la cueva de Denísova, en Siberia meridional, hemos secuenciado el genoma de un hominino arcaico con una cobertura genómica de 1,9×. Este individuo pertenece a una población que comparte un origen común con los neandertales, pero tiene una historia independiente. Esta población aportó genes a los melanesios y pudo a su vez haber recibido genes de otro grupo hominino más arcaico [...] Hemos designado «denisovanos» al grupo de homininos al que pertenecían estos individuos, y proponemos que pudieron haberse extendido por Asia durante el Pleistoceno tardío. [4]

Me quedé con la boca abierta. ¿Habían obtenido ADN *nuclear* del espécimen? ¿En solo unos meses? ¿Y habían descubierto que una parte del ADN de los melanesios procedía de estos «denisovanos»? Una vez más, era difícil asimilar lo que estos resultados implicaban. Si el trabajo inicial sobre la «Mujer X» era una bomba, este artículo era un castillo de fuegos artificiales disparados en todas direcciones. El equipo no solo había secuenciado ADN nuclear, sino que había cubierto la práctica totalidad de las bases del genoma nuclear un promedio de 1,9 veces. Y en el genoma nuclear hay más de 3000 millones de parejas de bases para mapear. A menudo indicamos esta cobertura con una × para denotar el promedio de veces que se ha leído la posición de cada base; en este caso sería una cobertura de 1,9×. El artículo señalaba a continuación que era el alto nivel de ADN endógeno u original que pudo recuperarse de este huesecillo lo que lo había hecho posible. Así y todo, esto era un punto de inflexión tecnológica en términos de ADN antiguo, y de un espécimen con decenas de miles de años de antigüedad.

Denísova 3 produjo el 70 por ciento de ADN endógeno. Esto supone un porcentaje elevadísimo en trabajos de paleo-

genómica. Lo más habitual es que el ADN endógeno ronde el 1 por ciento, aumentando quizá hasta el 5 por ciento en casos excepcionales, porque la mayor parte del ADN extraído de huesos antiguos es casi siempre de origen bacteriano. Pero ¿el 70 por ciento? En cuanto a su conservación, era casi moderno. Por increíble que parezca, el equipo trabajó con una muestra ósea que solo pesaba 40 mg; eso viene a ser un grano y medio de arroz. Es una cantidad extraordinariamente pequeña. Y a partir de aquí, secuenciaron el genoma nuclear.

El artículo de Reich del 2010 es una publicación señera desde el punto de vista de sus fundamentos técnicos y científicos, y también desde el paleoantropológico: un trabajo al que siguen acudiendo los paleoantropólogos por la sencilla razón de que contiene mucha información de sumo interés. Después, en el 2012, un nuevo método aplicado a la biblioteca de muestras de ADN de Denísova 3 arrojó una cantidad todavía mayor de datos genéticos. Se extrajo un genoma de cobertura mucho más alta utilizando una nueva técnica en que se analizaron cadenas sueltas de ADN. El resultado fue un genoma con una cobertura de 31×. [5]

Tras los áridos artículos publicados en revistas científicas suele haber historias interesantes, y la historia de Denísova 3, el meñique hoy famoso, es un claro ejemplo. Cuando los del equipo de Pääbo se percataron de que tenían entre manos algo completamente nuevo, volaron de inmediato a Novosibirsk para reunirse con Anatoli Derevianko y el equipo de Denísova, discutir los resultados y decidir qué hacer a renglón seguido. Cuando pidieron material adicional del me-

ñique, Anatoli les dijo que había enviado el resto del hueso —la mayor parte— a otro laboratorio de genética, en Berkeley (California), dirigido por un científico que se llamaba Ed Rubin. Este había formado parte inicialmente del equipo de investigadores del Proyecto Genoma Neandertal, la colosal empresa científica coordinada por Pääbo para secuenciar el genoma de los neandertales. [6] Así que el equipo de Berkeley tenía la otra parte de este espécimen de importancia capital. Pääbo se sintió decepcionado y un tanto sorprendido. Fue entonces cuando se dio cuenta de que quizá estaban participando en una carrera para ver quién publicaba primero, porque, si los del equipo de Berkeley ya habían secuenciado el hueso, probablemente eran conscientes de su extrema importancia. Aquello era, por tanto, una cuestión de tiempo.

En ciencia, lo único que cuenta es ser el primero; el segundo es el máximo perdedor. Lo que Pääbo y su equipo no sabían, sin embargo, era que Rubin y su grupo no habían empezado a trabajar con el hueso de Altái; lo habían dejado en el laboratorio para otra ocasión. Pääbo publicó rápidamente el trabajo de su equipo sobre el ADN mitocondrial y después centró todos sus esfuerzos en el genoma nuclear.

Mientras tanto, Rubin había enviado la muestra ósea a una de sus colegas paleogenetistas, Eva-Maria Geigl del Instituto Jacques Monod de París, para que trabajara con ella. Tras la publicación del artículo sobre el ADNmt de Krause y Pääbo, Geigl se propuso secuenciar el genoma nuclear, pero sus esfuerzos quedaron en nada, porque no pudo extraer las cantidades adecuadas de ADN nuclear. Después de la publicación del artículo de Reich sobre el genoma, Rubin pidió

que le devolvieran el hueso, que regresó a Berkeley en el 2011. Y aquí es donde se le pierde la pista. Parece que el hueso se perdió o traspapeló, y hasta la fecha nadie ha podido rastrear el paradero de la preciada muestra ni averiguar qué le ocurrió.

Por fortuna, antes de devolverle el hueso a Rubin, Geigl había sacado fotografías en alta resolución y extraído nuevas muestras para trabajos futuros.[7] En el 2019 se publicó este análisis a instancias de Pääbo. El ADNmt que había obtenido el equipo de Geigl era idéntico a la secuencia publicada por Krause y otros en el 2010, lo que confirmaba que el material con que ella había trabajado procedía de la misma pieza ósea. Las fotografías en alta resolución permitieron reconstruir el hueso y soldarlo «virtualmente» a la parte proximal más pequeña de la que previamente se habían tomado muestras. El escáner del hueso reunificado permitió a los investigadores establecer con mucha más exactitud la edad de la niña denisovana. Cuando pasamos de la niñez a la adolescencia, algunas partes de nuestros huesos experimentan cambios sustanciales. Un hueso como una tibia consta de tres partes bien diferenciadas: la diáfisis es el cuerpo principal; después está la metáfisis, que es el extremo ensanchado de la diáfisis; y por último la epífisis, el extremo donde el hueso se une al fémur. En el momento de nacer, la epífisis flota desconectada del cuerpo principal del hueso. A medida que se forma hueso nuevo y crecen las piernas del niño, la epífisis solo permanece unida por un delgado cartílago. Con el tiempo, este se endurece u osifica y la tibia se convierte en un hueso completo; este proceso se conoce como fusión epifisial. Ana-

lizando huesos de personas que murieron a edades conocidas, los antropólogos físicos calculan la edad en que se produjo esta fusión epifisial en diferentes huesos, desde los dedos hasta las costillas, los fémures y otras piezas. Estos datos les sirven para asignar edades a fragmentos de hueso como Denísova 3. Y así, juntando virtualmente de nuevo estas dos piezas óseas, y observando con cuidado el grado de fusión, los investigadores pudieron determinar la edad de Denísova 3 cuando murió. La epífisis se estaba fusionando en el momento de la muerte, un proceso que dura de dos a cuatro meses, y por eso el meñique estaba muy cerca de alcanzar su estado maduro final, que es el que observaríamos en un adolescente. Puesto que el ADN nuclear había demostrado que el hueso pertenecía a una hembra, se pudo comparar el tamaño del hueso con el de mujeres vivas y determinar que era de una hembra de trece años y medio. No solo eso, sino que el análisis de la tuberosidad del hueso y la curvatura de la diáfisis indicaban que, con certeza casi total, correspondía a la mano derecha y era la última falange del meñique. Como veremos en el capítulo 8, también hemos calculado que el hueso data de hace entre 52 000 y 76 000 años.

Nunca deja de asombrarme la cantidad de información que puede compilarse a partir de minúsculos restos: este hueso solo mide 2 cm de largo, y, aun así, podemos establecer la edad de la persona al morir, el rango de fechas de la muerte, el sexo y de qué mano procedía el hueso. Por supuesto, también disponemos del genoma nuclear completo de Denísova 3, que contiene un caudal de información esclarecedora, desde la relativamente trivial (es probable que tu-

viese el cabello castaño oscuro, ojos castaños y tez oscura, ¡sin pecas!) hasta aspectos de su historia poblacional, salud y evidencias de enfermedades. [8]

¿Por qué estaba tan bien conservado el ADN en Denísova 3? Es difícil decirlo, pero caben varias posibilidades. Primeramente, el hueso es de la punta del meñique, así que una posibilidad es que, como las extremidades son las primeras que se secan y deshidratan, son las que tienen menos probabilidades de ser atacadas por bacterias necrófagas o descompuestas por enzimas endógenas. No hay mucha carne en un meñique, y esta pudo ser la causa de la buena conservación del ADN. En segundo lugar, la cueva en sí y las condiciones reinantes en su interior quizá desempeñaron un papel. Si se entra hoy en la cueva de Denísova, conviene llevar un abrigo, porque hace frío y la temperatura se mantiene estable. El equipo de excavadores lleva monos abrigados y botas, que los protegen del frío y les dan aspecto de astronautas a punto de entrar en un cohete. La temperatura ambiente media fluctúa a unos pocos grados sobre cero, lo que favorece la conservación del ADN. Este es como un helado, como le gusta decir a mi colega Tom Gilbert; en los climas fríos los helados no se derriten tan deprisa como en los trópicos. Pero estos dos puntos no lo explican todo, porque en muchos huesos de Denísova no queda ADN; se ha degradado por completo. Las condiciones para la conservación podrían variar en distintos puntos de la cueva. El hueso es un material complejo, compuesto por diferentes biomoléculas, principalmente una mezcla de cemento mineral llamada hidroxiapatita y un componente proteico, dominado por el colágeno. El grado

de acidez, o nivel de pH, la presencia de agua, microbios y bacterias y la temperatura se combinan de diversas maneras para favorecer la conservación del ADN y el colágeno o para dificultarla. En algunas partes de la cueva da la impresión de que la materia orgánica del hueso se ha conservado para la ciencia, mientras que en otras no. Es cuestión de chiripa; y en el caso de Denísova 3, parece que la suerte sonrió al mundo de la paleoantropología.

El genoma nuclear de Denísova 3, por su alta y detallada cobertura, nos reveló cuantiosa información sobre las poblaciones de humanos modernos y nuestra historia más remota. La relación evolutiva entre los denisovanos y otros homininos pudo establecerse comparándola con el genoma humano de referencia a lo largo de una línea que se remontaba a millones de años atrás, hasta el antepasado común de humanos y chimpancés, a fin de calcular hasta qué grado, a lo largo de esa línea, se habían apartado los denisovanos de nosotros. El equipo de Reich cifró ese distanciamiento en el 11,7 por ciento. El mismo análisis aplicado a los neandertales arrojó el 12,2 por ciento, un grado de divergencia bastante similar, lo que indica que probablemente denisovanos y neandertales eran grupos hermanos. Con posterioridad se calculó que la escisión entre denisovanos y neandertales se había producido unos 420 000 años antes. [9]

Como vimos en el capítulo 4, dado que los números del genoma nuclear son de tal magnitud, se precisa mucho análisis computacional para investigarlo. Esta disciplina se llama

«bioinformática», y la practican matemáticos y genetistas poblacionales expertos en trabajar con grandes números y construir algoritmos que permitan reconocer los patrones y diferencias dentro de las largas secuencias de bases. Para ayudar a obtener estos patrones se está empleando una amplia variedad de nuevos métodos estadísticos, uno de los cuales es un test llamado «estadística D». [10] Su inventor fue Nick Patterson, unos de los compañeros de laboratorio de David Reich, cuyo currículum lo hacía ideal para reconocer y delinear los patrones subyacentes en grandes conjuntos de datos.

Cuando Nick estudiaba en la Universidad de Cambridge en la década de 1960, la mitad de sus profesores procedían de Bletchley Park y el grupo de descifradores de códigos que ayudó a los aliados a ganar la Segunda Guerra Mundial. En un principio, Nick se introdujo en aquel mundo y se convirtió en criptógrafo del Cuartel General de Comunicaciones del Gobierno (GCHQ) de Gran Bretaña a principios de la década de 1970. Después trabajó en el ultrasecreto Centro de Investigación de Comunicaciones de Estados Unidos hasta el final de la Guerra Fría. Con posterioridad se metió en el mundo de los fondos de cobertura y las previsiones en el mercado bursátil, empleando una vez más métodos matemáticos para determinar dónde había que invertir. [11] A principios de la década del 2000, por suerte para el mundo de la evolución humana, lo dejó y se fue a Massachusetts, [12] donde empezó a trabajar con David Reich sobre los patrones subyacentes de la genética humana usando métodos matemáticos. Esta vez quería cuantificar la compleja historia de

las poblaciones humanas y sus antepasados. Su método de la estadística D se emplea hoy para establecer el grado de parentesco genético entre poblaciones (a esto lo llamamos «cruzamiento») y dar estimaciones cuantitativas de diferencias y similitudes.

Patterson y Reich tomaron el genoma de Denísova 3 y lo compararon con los genomas de 938 humanos vivos de 53 poblaciones de todo el mundo que tenían datos genotípicos de unos 642 690 SNP: las secciones del ADN humano que proporcionan el nivel más alto de variación en el genoma nuclear. [13] Querían saber qué poblaciones modernas, si es que había alguna, eran las más estrechamente emparentadas con el genoma denisovano. El primer grupo comprendía las siete poblaciones del África subsahariana; el segundo, 44 poblaciones no africanas y una norteafricana; y el tercero, poblaciones melanesias de Papúa y Bougainville. Descubrieron que este último grupo compartía casi todos sus alelos con el genoma denisovano, mientras que el segundo grupo no contenía ADN denisovano. Cuando se investigó la mínima parte de alelos derivados que procedían de los neandertales, se descubrió que en torno al 2,6 por ciento de los genomas de poblaciones no africanas procedía de neandertales. Esto ya se sabía, aunque con menos precisión, desde la publicación de los resultados del Proyecto Genoma Neandertal en mayo del 2010. El análisis de Reich y Patterson demostraba ahora que aproximadamente el 4,8 por ciento del genoma melanesio procedía de denisovanos. Juntando porcentajes salía que alrededor del 7,5 por ciento de los genomas de los pueblos melanesios proviene, con toda probabilidad, de cruces gené-

ticos con esos grupos humanos hoy desaparecidos. La explicación más probable del fenómeno era el flujo genético desde los denisovanos hasta los antepasados de papúes y melanesios en algún momento de su evolución, ocurrida cuando nuestros antepasados se expandieron desde África hasta Eurasia oriental después de hace unos 50 000-54 000 años.

Hagamos una pausa para asimilar este dato, porque se trata de una revelación extraordinaria. Casi el 8 por ciento del ADN de un grupo de humanos vivos procede de otros grupos humanos hoy desaparecidos… Hace menos de una década los paleoantropólogos creían improbable que se hubieran producido cruzamientos entre humanos modernos y neandertales, e incluso que hubieran llegado a conocerse. Hoy sabemos que estaban *rotundamente* equivocados.

Otro dato curioso del trabajo se obtuvo del ADN mitocondrial extraído de un diente humano de la cueva de Denísova. Denísova 4 es un molar muy bien conservado que fue descubierto en el 2000 en la parte de la cueva conocida como cámara sur. Lamentablemente, en comparación con Denísova 3, la conservación del ADN nuclear no era ni de lejos tan buena. Al final, sin embargo, se extrajo del diente ADN mitocondrial con una cobertura de 58×, lo que significa que cada posición del genoma del ADNmt se cubría un promedio de 58 veces. La secuencia variaba en dos posiciones cuando se la comparaba con la secuencia de ADNmt de Denísova 3, así que no procedía de la misma persona, pero que fuera tan similar indicaba que probablemente procedía de la misma población, con una separación no muy significativa en términos cronológicos. La evidencia del ADN denota que ambos

compartieron un antepasado común menos de 7500 años antes de que vivieran. Esto demostraba que, en el caso de los denisovanos, estábamos estudiando una población humana.

El análisis de ese minúsculo fragmento de hueso que es Denísova 3 reescribió la historia de la humanidad en cuestión de meses durante el 2010. El pequeño tamaño del hueso y la reducida presencia de fragmentos de ADN de cromosomas Y permitió al equipo de genetistas determinar que Denísova 3 pertenecía a una adolescente. El hermoso regalo que aquella muchacha nos legó fue la demostración de que, junto con nosotros y los neandertales, había vivido en Eurasia continental otro grupo humano hasta entonces invisible. Además, su genoma nos reveló que una parte de la familia humana moderna había heredado algo de ADN denisovano, y que esas personan viven hoy en Melanesia y Australia. De aquí se deduce, por tanto, que, cuando hablamos de «orígenes de los humanos modernos», forzosamente debemos ensanchar la aplicación del término para incluir no solo nuestra evolución específica, sino a la mezcla que ha provenido de otros grupos considerados hasta entonces más «otros» que «nosotros», o, en el caso de los denisovanos antes del 2010, desconocidos.

Los datos genéticos denisovanos eran tan completos en comparación con los cuatro diminutos restos esqueléticos que tenemos del grupo que un periodista llegó a hablar de «el genoma en busca de un fósil». En el capítulo siguiente me ocuparé de los esfuerzos por encontrar más restos deni-

sovanos en un intento de poner más carne en estos huesos fragmentarios.

Capítulo 6

¿Dónde están los restos fósiles?

¿Cómo podemos averiguar qué aspecto tenían los denisovanos, si de ellos solo conservamos diminutos fragmentos? El genoma de Denísova 3 proporciona información sobre el fenotipo de la muchacha de Denísova, pero para averiguar más sobre la morfología esquelética y craneal de estas gentes necesitamos nuevos restos fósiles.

Hay dos sitios posibles donde buscar. En primer lugar, podemos excavar nuevos yacimientos. Esto exige tiempo y esfuerzo, pero es, sin duda, un camino provechoso que han tomado hoy muchos arqueólogos. En segundo lugar, podemos investigar en museos y colecciones universitarias en busca de restos que aún no han sido identificados y asociados a una especie humana en particular. ¿Es posible que, entre los restos esqueléticos conservados en diferentes colecciones, conocidos hasta ahora solo como *Homo* sp., u «*Homo* arcaico», pudieran ocultarse denisovanos, o incluso otros tipos de humanos?

Un punto de partida sería examinar los exiguos restos de denisovanos con que actualmente contamos, para que así pudiéramos comparar su morfología con la de los fósiles

existentes en Asia oriental. En el 2019 los especímenes denisovanos de que disponíamos eran la falange del meñique (Denísova 3), el segundo molar de leche desenterrado en la base de las primeras excavaciones en la cueva en 1984 (Denísova 2), el molar superior izquierdo muy grande encontrado en el 2000 (Denísova 4) y otro fragmento de molar superior izquierdo (Denísova 8, encontrado en el 2010). [1]

Figura 15. Yacimientos de Extremo Oriente con sus localizaciones geográficas.

El espécimen que proporciona más información es el diente Denísova 4, porque se conserva prácticamente intacto y los dientes son de las primeras piezas usadas en la diagnosis de una especie humana; suelen revelar diferencias características entre especies cuando se someten a un análisis estadístico morfológico. Es tentador pensar que los restos físicos de los denisovanos sean similares a los de los neandertales, basándose en su separación más reciente de un antepasado común hace unos 400 000 años, [2] pero no tiene por qué ser así. Tomemos, por ejemplo, el hueso del meñique Denísova 3. Después de juntar los dos fragmentos del espécimen fue posible comparar sus proporciones físicas con otras falanges de homininos. Cuando se compararon 45 neandertales y 31

humanos antiguos (hace 30 000-110 000 años) y recientes con Denísova 3, el mapeado arrojó una mayor similitud con los humanos anatómicamente modernos. Era esbelta y grácil, y con un aspecto [3] sorprendentemente moderno, muy diferente de los neandertales. Esto podría indicar que las falanges de los neandertales, más gruesas, evolucionaron en una dirección diferente tras su separación de los denisovanos. [4] Las similitudes entre los humanos modernos y esta denisovana denotan que debemos ser cautos al intentar identificar como denisovanos unos restos esqueléticos nuevos comparándolos con elementos tan pequeños como este.

Lo más probable es que Denísova 4 sea un tercer molar superior, o muela del juicio (denominada M^3); [5] pero como se trata de un solo espécimen y no se encontró dentro de su mandíbula y arcada dental primigenias, es difícil asegurarlo. Por regla general, desde el tiempo del *Homo erectus*, después de hace 1,6 millones de años, los molares humanos se han ido empequeñeciendo progresivamente. El tamaño de nuestros molares disminuye del primer al tercer molar, pero en otros homininos ocurre al revés. Los dientes de los australopitecos y los primeros *Homo* aumentan de tamaño desde el M^1 hasta el M^3. Curiosamente, y pese a tratarse de un tercer molar, por su gran tamaño Bence Viola (que dirigió el estudio de esta pieza) dedujo que debió de haber sido el molar más grande de la hilera dental y comparó Denísova 4 con los dientes M^3 de otros homininos y también con el diente M^2, por si acaso fuera un M^3. [6] Midió dos ángulos en el diente, uno a lo largo y otro transversal en su diagonal más ancha. El M^3 se diferenciaba radicalmente de cualquier diente nean-

dertal o humano moderno, y el mapeado demostró su cercanía a los australopitecos y al *Homo habilis*, unos homininos africanos notablemente más antiguos que vivieron hace más de 1,5 millones de años. Las comparaciones con el M^2 fueron similares: Denísova 4 era mucho mayor que los neandertales o los humanos modernos y coincidía con homininos mucho más antiguos, situándose en lo alto del rango que presenta el *Homo erectus*. [7] La forma de las raíces y de la corona también eran muy diferentes. El diente denisovano estaba lejísimo de sus parientes supuestamente más cercanos del registro hominino. ¿Cómo podía ser?

Los dientes neandertales empiezan a presentar características distintivas en una fase muy temprana de la evolución de su linaje. Así puede verse en los fósiles del yacimiento de la Sima de los Huesos, en Burgos, que data de hace más de 400 000 años. [8] Es curioso que Denísova 4 parezca tan distinto de los neandertales cuando ambos comparten un antepasado común cuya antigüedad estimada no difiere excesivamente de la de los fósiles de la Sima.

Si el diente es tan distinto, ¿hay entonces algunos especímenes arqueológicos en Asia oriental que se le parezcan?

Una respuesta podría encontrarse en el material humano procedente del yacimiento de Xujiayao, en el norte de China. A finales de la década de 1970 salió allí a la luz un maxilar superior con seis dientes aún en su sitio, junto con algunos otros dientes aislados y 16 fragmentos de cráneo. [9] Determinar la antigüedad del yacimiento ha sido difícil, pero los trabajos más recientes apuntan a que los restos humanos de su

interior datan de hace más de 140 000 años. [10] El análisis de los dientes revela que los molares son también muy grandes y robustos, con una forma primitiva, bastante parecidos a Denísova 4. Los incisivos y caninos, sin embargo, presentan más similitudes con los de los neandertales. Un especialista ha sugerido que la morfología general de los dientes «conserva la herencia de un hominino "misterioso" y primitivo», [11] y los candidatos más probables a encajar en esa descripción son los homininos más antiguos del Pleistoceno Medio de Asia oriental. Con este término se describe a los homininos que aún no son como nosotros, puesto que conservan rasgos de la morfología arcaica (entre ellos un cráneo menos globular que el nuestro y unos dientes mayores que los nuestros), pero al propio tiempo no son neandertales. Algunas características de los humanos de Xujiayao evocan a los neandertales; por ejemplo, en los importantísimos huesos del oído, el laberinto óseo es muy similar al de los neandertales. Otras características concuerdan más bien con humanos anteriores del Pleistoceno que habitaban en Asia oriental.

En conjunto, quizá la palabra que describa mejor el material hominino de Xujiayao sea «mosaico»: un mosaico de características nunca vistas en Eurasia. Admitiendo que podría tratarse de los restos de un denisovano, las características inusuales y los rasgos mixtos han llevado a algunos a sugerir que los restos de Xujiayao podrían proceder de una forma de humano híbrido. [12] Esta cuestión la abordaremos con más detenimiento en capítulos siguientes, pero, como veremos, tiene sentido si consideramos lo que se ha constatado en híbri-

dos genéticos de otros animales, primates incluidos; con frecuencia presentan evidencias de un tamaño excesivo: dientes más grandes, cráneos más grandes y así sucesivamente, lo que resulta interesante si consideramos de nuevo el tamaño desmesurado de Denísova 4.

Existen, pues, algunos paralelismos entre el diente Denísova 4 y Xujiayao que podrían revelarse importantes, pero que no bastan para proporcionar la prueba incontrovertible que vincule a Xujiayao con el linaje denisovano.

Los restos humanos de otros yacimientos podrían aportar más información. Lingjing queda cerca de Xuchang, en la provincia norteña china de Hunan. En el 2007 los arqueólogos excavaron allí un fragmento amarillo de una bóveda craneal redondeada aparecida entre sedimentos que contenían también un conjunto de bonitas herramientas de cuarzo. [13] En el 2014, tras otros siete años de excavaciones, el equipo había exhumado dos cráneos, las mandíbulas que faltaban y los huesos frontales de la cara. La antigüedad del estrato donde aparecieron los restos humanos de Xuchang se calculó en 105 000-125 000 años. [14] Los especímenes, también en este caso, presentan rasgos mixtos: algunos muestran similitudes con otros restos humanos de Asia oriental, mientras que otros guardan un extraordinario parecido con los neandertales. Por ejemplo, el perfil ovalado del cráneo visto desde atrás recuerda mucho a la forma craneal de los neandertales. El tamaño estimado del cerebro, 1800 cm^3, es también extremadamente grande, [15] mayor, en realidad, que el de cualquier neandertal y con unas dimensiones casi nunca vistas en un humano moderno.

¿Podría el ADN ayudarnos a determinar si los restos de Xuchang son denisovanos?

Qiaomei Fu, del Instituto de Paleontología de Vertebrados y Paleoantropología (IVPP) de Pekín (a quien conocimos en el capítulo 5 cuando encontró a Denísova 3 con Johannes Krause), se ocupó del muestreo y el análisis genético de los cráneos de Xuchang. Lamentablemente, ni ella ni su equipo lograron extraer suficiente ADN útil. Así pues, actualmente no podemos estar seguros de la posición taxonómica de estos restos. Tan curioso mosaico implica que quizá provengan de una población que experimentó un cierto grado de mezcla, pero por ahora no lo sabemos.

La fragmentariedad de los restos que tenemos de la cueva de Denísova, unida a la escasez de especímenes comparables y su decepcionante ausencia de ADN, ha dificultado la identificación de nuevos restos denisovanos. Por suerte, no nos encontramos en un callejón sin salida: una posible manera de arrojar luz sobre los denisovanos y su apariencia nos ha llegado del campo de la biología computacional y de la joven ciencia de la epigenética.

El término «epigenética» hace referencia a que la expresión fenotípica —las características y la morfología de un organismo— puede cambiar *sin* que se produzcan alteraciones efectivas de la secuencia de ADN del organismo; aunque parezca contrario a toda lógica, alude a los cambios químicos que pueden anular o modificar determinados genes.

Los genes pueden verse afectados por la adición de un «grupo metilo» a las bases de la secuencia de ADN. El grupo metilo consta de un átomo de carbono y tres de hidrógeno, y la metilación puede alterar la función de un gen. Los genes son susceptibles de ser activados y desactivados por metilación; su expresión puede alterarse mediante estos nudos químicos. Si se consigue establecer los patrones de metilación, podrían hallarse las claves de la expresión fenotípica.

Solo hay un problema. Después de la muerte del organismo, y de la degradación de su ADN y otras biomoléculas en los yacimientos arqueológicos, los grupos de metilo también se degradan y desaparecen. Con ellos se pierde la oportunidad de reconstruir el aspecto. Se dan, sin embargo, algunas notables excepciones; por ejemplo, un bisonte en permafrost de hace 26 000 años se hallaba tan bien conservado que pudieron reconstruirse sus antiguos patrones de metilación. [16] Pero por lo general no es posible, y hasta ahora no se ha encontrado en permafrost ningún denisovano ni otro antiguo pariente humano.

Así pues, ¿cómo podemos extraer esta información?

Un equipo israelí ha dado con una respuesta, que consiste en analizar señales *proxy* de metilación. [17] La clave está en estudiar las diferencias en los procesos químicos de la citosina base del nucleótido con el paso del tiempo. En el capítulo 4 expusimos brevemente que la citosina se degrada en uracilo con el paso del tiempo (un proceso llamado «desaminación») [18] y cómo esta degradación se usa para aislar fragmentos de ADN verdaderamente antiguos. En este ejemplo, la ci-

tosina no está metilada, no se le ha agregado un grupo metilo. La citosina que está *metilada*, por el contrario, se degrada en timina y no en uracilo. Por consiguiente, aquellas posiciones del genoma con citosinas que fueron metiladas antes de la muerte y descomposición deberían presentar una cantidad mayor de timina en comparación con las posiciones no metiladas. De aquí puede inferirse que la ratio C⟶T funciona como un *proxy* de la metilación en muestras de ADN antiguo.

Para verificar la capacidad predictiva de su método, el equipo israelí investigó inicialmente los patrones de metilación del genoma de los chimpancés, comparando los fenotipos que habían pronosticado, basados en los llamados mapas de metilación, con la apariencia física conocida de los chimpancés. También ensayaron el método aplicándolo a los neandertales, para lo cual compararon su aspecto físico con la Ontología del Fenotipo Humano, una base de datos de los genes que influyen en los cambios de la anatomía cuando están desactivados o faltan. Las pruebas iniciales demostraron que podían reconstruir en ambos grupos determinados rasgos físicos con una precisión de más del 85 por ciento. [19] El resultado parecía muy alentador.

Después analizaron el mapa de metilación equivalente de los denisovanos, centrándose en aquellas partes que cubrían conjuntos de genes que subyacen en rasgos específicos. Prestaron atención a las zonas que indicaban direccionalidad en la expresión de un rasgo, por ejemplo, para alejarse de un neandertal o acercarse a un humano moderno. De esta ma-

nera compusieron una imagen comparativa de la posible apariencia de un denisovano.

Entonces ¿qué aspecto habría tenido un denisovano?

Los 21 rasgos identificados por el equipo de investigación parecían compartidos con los neandertales, y así presuponen, por ejemplo, un cráneo bajo. Una pelvis ancha, una mandíbula robusta, una frente más plana y una caja torácica grande serían también probables rasgos de los denisovanos.

Algunas características eran privativas de los denisovanos, entre ellas una mayor protrusión facial, omóplatos más grandes, un arco dental alargado, un cóndilo mandibular agrandado (la protuberancia del maxilar en el extremo donde se fija al cráneo por delante de la oreja) y una cara más ancha; también parece que tenían una densidad mineral ósea diferente y estadios temporales distintos en parte de su maduración esquelética. [20]

Curiosamente, en algunos rasgos los denisovanos dan la impresión de hallarse más próximos a la morfología de los humanos modernos, por ejemplo, en la pérdida prematura de la dentadura permanente y en la anchura de la parte frontal de la mandíbula (algo curioso considerando lo que vimos sobre el gran tamaño del molar Denísova 4 en la parte de atrás de la mandíbula).

Nuestros intentos por comparar restos denisovanos con otros restos de homininos procedentes de yacimientos arqueológicos de Asia oriental no lograron dibujar una imagen clara, pero cobran sentido a la luz de estas predicciones epigenéticas. Si bien la mayoría de los rasgos de los denisova-

nos repiten los de los neandertales, otros se asemejan más a los de los humanos modernos y algunos no encajan en ninguno de los dos grupos.

Como es natural, se trata solo del primer paso en la aplicación de este método, que adolece de algunos puntos débiles reconocidos. Uno es que solo se está analizando un genoma denisovano, con el que se pretende establecer el modelo de toda una población sobre la base de un único individuo. Un crítico dijo que, si se encontrara un solo fósil de *Homo sapiens* y resultaran ser los restos de un jugador de baloncesto de la NBA, podría perfectamente concluirse que todos los *Homo sapiens* medían dos metros. La observación tiene su gracia, pero no puede considerarse una crítica legítima, porque, como hemos visto, el genoma nuclear contiene información procedente de más de una persona; es el reflejo de una historia poblacional muchísimo más vasta y profunda. El análisis carece también de cuantificación, porque solo nos informa de la dirección de la diferencia, sin proporcionarnos confianza numérica fiable. Así y todo, a falta de evidencias arqueológicas más sólidas de los denisovanos, es un paso adelante significativo y no poco alentador.

Los autores consiguieron que una artista interpretara su reconstrucción para mostrarnos la posible apariencia de un denisovano. Con frecuencia, estas reconstrucciones son más especulativas que fieles, pero en este caso la artista, Maayan Harel, trabajó sobre una reconstrucción en 3D basada en los datos del análisis epigenético, a partir de la cual recreó la imagen de una mujer denisovana. Viendo esta imagen, percibo más nuestras similitudes con estas gentes que nuestras

diferencias. Por primera vez podemos contemplar a este miembro de la familia humana desaparecido hace tiempo inmemorial y ver a una persona, no un pequeño muestrario de huesos fragmentados, y me siento agradecido.

Cuando aplicamos esta potente herramienta epigenética a algunos de los especímenes que hemos considerado posibles denisovanos chinos, como los de Xuchang, ¿qué nos dice? Curiosamente, el análisis revela que, con una excepción, muchas de las características identificadas en los denisovanos se hallan presentes en Xuchang. Las predicciones epigenéticas apuntarían, por tanto, a que estos cráneos tienen más probabilidades de ser denisovanos.

Este nuevo método, sin duda, desempeñará en el futuro un papel más relevante cuando se recuperen más restos fósiles de los denisovanos y avancen nuestros conocimientos de la base funcional y la expresión fenotípica de diferentes genes homininos. [21] El concepto clave aquí es «más fósiles humanos», y al mencionarlo me refiero a restos lo bastante grandes para ser identificados con técnicas epigenéticas. Nunca hasta ahora hemos necesitado con tanta urgencia nuevos restos humanos. Durante buena parte de los últimos diez años, muchos de los que trabajamos en el campo de la evolución humana tardía hemos esperado impacientes el descubrimiento de cualquier fósil que pudiera anunciar a un nuevo denisovano, sobre todo si los restos proceden de un yacimiento o región nuevos y proporcionan información morfológica.

Y de repente, el 1 de mayo del 2019, se publicó en *Nature* un nuevo descubrimiento. Por primera vez, según parecía, se había encontrado un denisovano fuera de la cueva de Denísova.

Un día de 1980, en una cueva sagrada a 3280 m sobre el nivel del mar en la meseta tibetana, en Ganso (China oriental), un monje estaba rezando. Cuando se disponía a salir, tomó un puñado de tierra de la cueva, según la costumbre budista, y fue entonces cuando reparó en algo extraño que parecía una mandíbula humana parcial. La cueva kárstica de Baishiya, en Xiahe, había proporcionado ya muchos huesos animales, así que aquel hallazgo no era para sorprenderse demasiado; pero este hueso tenía algo que llamó su atención. El monje (no sabemos cómo se llamaba) decidió llevar el hueso al sexto Buda vivo, Gung-Thang, superior de su monasterio. Como hombre instruido, Gung-Thang sabía que podía tratarse de algo valioso, así que lo guardó con cuidado en su casa.

Transcurrieron más de diez años. En la década de 1990 un científico medioambiental de la Universidad de Lanzhou llamado Guangrong Dong empezó a trabajar en la zona. Unos amigos comunes se lo presentaron al Buda vivo y surgió el asunto de la interesante mandíbula encontrada en Baishiya. Guangrong se mostró conforme en llevar el hueso a la universidad para estudiarlo, pero por el exceso de trabajo y su inexperiencia en el campo de la antropología física no le prestó excesiva atención.

No fue hasta el 2016 cuando otros dos investigadores, Fahu Chen del Instituto de Investigaciones de la Meseta Tibetana y la arqueóloga Zhang Dongju de la Universidad de Lanzhou, tuvieron noticia de la misteriosa mandíbula y se ofrecieron a trabajar para averiguar qué era; entrevistaron a los monjes de la cueva kárstica de Baishiya para saber de qué parte de la cueva procedía la mandíbula, pero ninguno tenía la menor idea. [22] No fue hasta que contactaron con el paleoantropólogo Jean-Jacques Hublin del Instituto Max Planck de Leipzig para ver si podía asesorarlos como experto cuando se arrojó un poco de luz sobre el misterioso hueso fósil. En cuanto Jean-Jacques vio fotografías del espécimen de Xiahe, se percató de su posible importancia y concertó una visita.

Parte de la mandíbula se hallaba cubierta por una costra calcárea que dificultaba la visión de toda la superficie. Empleando microtomografía computarizada, el equipo de Jean-Jacques pudo eliminarla virtualmente para determinar su forma. Como el hueso estaba partido por la mitad, realizaron una completa reconstrucción virtual en 3D «copiando» la mandíbula (después, utilizando *software* de escaneo en 3D, pude descargar e imprimir en 3D el espécimen para estudiar su forma por mi cuenta). [23] El equipo retiró pequeñas cantidades de carbonato de varias áreas del hueso para efectuar una datación con uranio-torio (véase la nota al pie de la p. 37, donde se describe este método). Se obtuvieron tres cálculos fiables que atribuían al espécimen una antigüedad mínima de 160 000 años: la evidencia más temprana de la presencia humana en la meseta del Tíbet.

La mandíbula de Xiahe en sí es de tamaño moderado, pero los dientes son extremadamente grandes en comparación con otros homininos. Aunque en la mandíbula solo quedan dos dientes, el diente M_1 (primer molar inferior) está en el extremo superior de casi todas las restantes muestras del Pleistoceno Medio en las medidas que se tomaron, mientras que el M_2 se sitúa en el extremo superior de la distribución registrada por el *Homo erectus.* Las similitudes con el diente Denísova 4 son evidentes.

Pero ¿qué clase de humano era Xiahe?

Lamentablemente, los intentos por extraer ADN original de la mandíbula fracasaron una vez más, y así, a falta de ADN, los investigadores recurrieron a un campo de estudio emergente llamado «proteómica». [24]

La proteómica es el estudio de las proteínas. Nuestras proteínas se construyen a partir de las instrucciones que dan los genes. Los humanos tienen alrededor de 20 000 proteínas que solo ahora se están investigando gracias a la aparición de nuevos espectrómetros de masas capaces de secuenciarlas. Un método denominado LC-MS/MS [25] permite a los científicos identificar la secuencia de las proteínas. [26]

Lo fascinante es que las proteínas, en comparación con el ADN, suelen sobrevivir en el registro arqueológico un período de tiempo notablemente más largo. En la actualidad, el récord de ADN extraído más antiguo lo posee un hueso de caballo encontrado en permafrost en el Yukón, en Canadá oriental, cuya datación lo sitúa entre 560 000 y 780 000 años atrás. [27] En comparación, el análisis de proteína en la cáscara

de un huevo de avestruz del yacimiento de Laetoli, en África oriental, ha arrojado una antigüedad de 3,8 millones de años. [28] Las proteínas antiguas pueden sobrevivir incluso más tiempo; la datación más controvertida es la efectuada por la científica Mary Schweitzer, que afirma la supervivencia de proteínas en unos huevos de dinosaurio de hace 80 millones de años. [29]

Uno de los problemas de las proteínas es que suministran mucha menos información que el ADN. ¿Recuerda el lector la analogía del genoma nuclear humano con un conjunto de 3200 libros? Pues el equivalente del proteoma sería una revista ilustrada de pocas páginas. No hay el mismo nivel de diversidad en las secuencias de las proteínas si se comparan con el ADN.

En el caso de los humanos modernos, denisovanos y neandertales, sabemos que existen diferencias demostrables entre sus genomas. Dado que las proteínas están codificadas por los genes, la pregunta es: ¿hay diferencias entre las proteínas de estos grupos que pudieran facilitar la identificación a nivel de especie?

Poco a poco surgen evidencias de que la respuesta es sí. Se han detectado diferencias pequeñas, pero identificables en posiciones de aminoácido único en proteomas extraídos, y está empezando a usarse la proteómica para situar a diferentes primates y homininos en los árboles evolutivos, más o menos como se hace con el ADN. [30]

El grupo de investigación extrajo una muestra del hueso para ver si las proteínas estaban lo bastante bien conserva-

das para obtener información proteómica. El hueso se encontraba en deficiente estado de conservación, pero hubo más suerte con uno de los dientes, que reveló proteínas degradadas, y por consiguiente antiguas, susceptibles de ser separadas de contaminantes proteicos modernos. La presencia de dos de los denominados «polimorfismos de aminoácido único» (SAP) que diferían entre denisovanos, neandertales y humanos modernos permitió situar al espécimen de Xiahe en un árbol genealógico junto con otras muestras anteriormente analizadas.

El vecino más cercano en el árbol era Denísova 3…

Sobre estos fundamentos, el equipo sacó la conclusión de que la mandíbula de Xiahe de la cueva de Baishiya había pertenecido probablemente a un denisovano, [31] lo que la convierte en el primer resto denisovano encontrado fuera de la cueva de Denísova. Poco a poco vamos dando los primeros pasos, todavía vacilantes, para averiguar dónde, en términos geográficos, pudieron haber vivido los denisovanos y por dónde se dispersaron.

Como científicos, sin embargo, conviene que seamos prudentes y recordemos que este trabajo se basó únicamente en las posiciones de dos aminoácidos en el proteoma, uno de los cuales coincidió con el denisovano; es un indicio débil en comparación con la evidencia geonómica. Con el ADN antiguo solemos contar con mucho más material para corroborar la identificación. El ADN permite distinguir las diferentes especies porque las mutaciones que se producen a lo largo del tiempo son mayoritariamente neutras. En las proteínas,

los cambios suelen producirse porque están bajo selección, lo que significa que es mucho más probable que surjan independientemente en las distintas poblaciones y especies. La proteómica antigua es un campo de investigación muy nuevo en una ciencia que se encuentra todavía en fase de desarrollo, así que debemos andar con tiento. No obstante, parece que este método puede proporcionar información pionera, sobre todo en casos como Xiahe, donde no ha sobrevivido el ADN, y en fósiles demasiado antiguos para conservar ADN. Además, conviene señalar que el análisis morfológico y antropológico del espécimen parece abonar la hipótesis de que Xiahe es denisovano con independencia del estudio proteómico.

Los trabajos en Baishiya continúan. La cueva es extraordinariamente larga, con un kilómetro de profundidad dentro de la ladera. La boca tiene 10 m de alto y 20 m de ancho. Las prospecciones y excavaciones realizadas desde el 2011 han recuperado diversos útiles líticos, así como huesos con evidencias de modificaciones por humanos, como marcas de corte. Mi laboratorio está datando, actualmente, huesos del yacimiento para establecer una cronología más fiable. Puede que este lugar fascinante suministre más evidencias de los denisovanos y arroje luz sobre su curiosa adaptación a vivir en grandes altitudes. Su antigüedad indica que los denisovanos llevaban un considerable período de tiempo en Asia oriental. Pero ¿cómo y cuándo se desplazó la familia humana a los difíciles territorios tibetanos? ¿Qué tipo de adaptación y de tecnología precisaron para sobrevivir? ¿Cuándo desarrollaron la capacidad para sobrellevar el desgaste que aca-

rrea la vida a gran altitud? Abordaremos estas cuestiones con más detalle en el capítulo 15.

El espécimen de Xiahe, y su adscripción denisovana, nos permite explorar el registro fósil existente para comparar sus características con las de otros huesos similares de Asia oriental.

Un espécimen que ahora parece interesante es Penghu 1.

En febrero del 2008 un hombre llamado Kun-Yu Tsai que estaba de compras en su ciudad natal de Tainán, en Taiwán, vio algo que captó su atención mientras curioseaba en una tienda de antigüedades. Era un hueso que parecía antiguo. Cuando le preguntó al anticuario por la pieza, este contestó que el hueso —una mandíbula o maxilar— le había llegado por un pescador del lugar. El pescador había estado faenando en el estrecho que separa Taiwán de las pequeñas islas del archipiélago de Penghu. Cuando recogió su red sobre una fosa oceánica a unos 25 km de la costa reparó en que, junto con los peces, habían salido algunos huesos. El pescador vendió unos cuantos al anticuario. La mandíbula quedó expuesta en lugar destacado con la esperanza de captar la atención de alguien interesado en objetos fuera de lo normal.

Al señor Tsai le gustó la pinta de la mandíbula, la adquirió y se la llevó a su casa. Como la superficie se hallaba cubierta de concreciones marinas, la limpió un poco. Para sus ojos inexpertos parecía interesante y quiso saber más. ¿Qué era exactamente? ¿Qué antigüedad tenía?

En el 2009 tomó algunas fotografías y las envió a los científicos del Museo Nacional de Ciencia Natural de la ciudad de Taichung, [32] que reconocieron la apariencia arcaica de la mandíbula y dijeron que probablemente era bastante antigua. [33] Tiempo después pudieron examinarla y trabajar con ella.

Una mirada a Penghu revela la importante ausencia de barbilla. Es parecida al espécimen de Xiahe en cuanto a sus dimensiones relativas y determinados aspectos del tamaño y la forma de los dientes. En ambas, falta el tercer molar, algo infrecuente en el registro fósil. Ambas mandíbulas presentan coronas molares muy grandes. Además, y esto es mucho más relevante, las dos contienen un segundo molar con tres raíces. En los *Homo sapiens* no asiáticos este rasgo es muy raro —menos del 3,5 por ciento de la población—, pero en los pueblos asiáticos y nativos americanos es mucho más común: hasta el 40 por ciento de la población lo presenta. [34] Su presencia denota que probablemente se trata de un rasgo muy antiguo. Antes del caso que nos ocupa, la evidencia más antigua de molares con tres raíces en humanos se había encontrado en una mandíbula humana moderna del yacimiento filipino de Tabón, aunque la datación no es precisa. [35 - 36] Si Xiahe es un denisovano, esta característica fue heredada por los humanos modernos, y procede de genes introgresionados por los denisovanos, es decir, añadidos por cruzamiento. [37] Esto sugiere que el flujo genético desde las poblaciones arcaicas hasta los humanos modernos quizá explique algunos de los curiosos rasgos dentales que encontramos en determinadas poblaciones modernas y no en otras. Parece que

la familia denisovana de huesos antiguos se hace extensiva ahora al espécimen de Penghu.

La pequeña mandíbula se conserva hoy en el Museo Nacional de Ciencias Naturales de Taiwán, [38] gracias al apoyo de un empresario taiwanés llamado Ted Chen. Quizá, si se le pueden aplicar los métodos científicos más avanzados, podamos averiguar más sobre este espécimen.

En el 2016 se derrumbó una sección de la cámara sur de la cueva de Denísova, y mientras el equipo limpiaba los sedimentos aparecieron dos pedazos de hueso pertenecientes al parietal o a las secciones laterales de un cráneo humano. Los fragmentos eran gruesos. Al año siguiente pude ver un vaciado de las piezas en Novosibirsk y me quedé impresionado; jamás he visto ni manipulado un trozo de hueso craneal más grueso. Fue identificado como denisovano utilizando ADN antiguo y se le adjudicó el identificador Denísova 13. [39] Es la pieza más grande de hueso denisovano encontrado hasta el momento en el yacimiento que le da nombre.

Si juntamos los tres dientes de la cueva de Denísova y el hueso del meñique, el fragmento craneal Denísova 13 y la mandíbula de Xiahe, el número de huesos identificados se eleva a seis. Tal como suponíamos, parece como si ya hubiera restos denisovanos en el registro fósil de Asia oriental esperando a ser redescubiertos. Penghu y Xujiayao, así como Xuchang, se incluyeron en esta categoría, aunque —por ahora— no haya evidencias de ADN que lo corroboren. Es un grupo reducido de especímenes, pero poco a poco va cre-

ciendo, y cada hueso nuevo enriquece nuestros conocimientos. Las cosas se mueven deprisa en el mundo de la paleoantropología.

Si no podemos encontrar otros huesos en el registro fósil existente, deberemos recurrir a métodos alternativos. En el capítulo siguiente me propongo explorar nuevos métodos arqueológicos que desempeñan un papel cada vez más importante para descubrir fragmentos óseos que puedan ser después genéticamente analizados y datados. Uno de estos fragmentos, cuyo descubrimiento relaté en las páginas iniciales de este libro, ha causado sensación en el mundo de la paleoantropología. Descubrirlo fue uno de los momentos culminantes de mi carrera científica.

Capítulo 7

Agujas en un pajar

La incógnita de cómo encontrar más restos denisovanos, y dónde, era un problema que no dejaba de acuciarme. En julio del 2014 fui a la cueva de Denísova con mi colaboradora en las investigaciones (y esposa) Katerina Douka para asistir a una reunión. Como de costumbre, experimenté el goce y la euforia de encontrarme una vez más en el macizo de Altái y sentirme en comunión con la naturaleza y los hermosos contornos del yacimiento: el relajante murmullo del río Anui, el aire puro y límpido y, por supuesto, los restos arqueológicos sin parangón y la camaradería del equipo. Estos minicongresos celebrados cada tres o cuatro años reúnen a un interesante elenco de figuras del campo de la paleoantropología. Allí estaban Anatoli Derevianko, Michael Shunkov, Svante Pääbo, Bence Viola y otros, junto con algunos estudiantes e investigadores que trabajaban en diversas áreas de la arqueología y la genética a quienes no conocía de antes.

Katerina y yo nos instalamos en uno de los bonitos bungalós del campamento de Denísova. Durante los dos primeros días en el yacimiento, entre conversaciones variadas, charlas

con copas y conversaciones nocturnas, una idea brillante empezó a rondarnos la cabeza.

Se nos ocurrió que el formidable problema de la cueva de Denísova era que el 95 por ciento de los huesos encontrados estaban fragmentados, probablemente por el carroñeo animal. Esto significa que la inmensa mayoría de los restos óseos no pueden ser identificados como animales o humanos, y menos todavía como pertenecientes a una especie o género. Metidos en grandes bolsas de plástico de almacenes polvorientos, resultan, a todos los efectos y propósitos, inútiles para la arqueología. Mas entre estos detritos seguramente reposan huesos humanos, quizá —como Denísova 3, el meñique denisovano, o Denísova 5, la llamada neandertal de Altái — de unos pocos centímetros de largo, pero repletos de ADN y de información valiosísima sobre los pasados ocupantes del yacimiento. Lo único que teníamos que hacer era encontrarlos. Pero ¿cómo?

La respuesta residía en una técnica novedosa llamada ZooMS: zooarqueología por espectrometría de masas. Las distintas especies presentan muy ligeras diferencias en las secuencias de proteínas (o péptidos) de su colágeno óseo. Cuando se miden con un espectrómetro de masas, estos péptidos proporcionan una especie de huella digital a escala molecular que permite la identificación del hueso hasta el nivel de especie o género comparando su huella con otras en una biblioteca de huesos de especies conocidas. Los inventores del método habían sido Matthew Collins y su alumno Michael Buckley en la Universidad de York. [1] Katerina y yo caímos en la cuenta de que sería factible emplear este método para

examinar miles de huesos en busca solo de aquellos con secuencias de péptidos humanos y, con suerte, añadirlos al reducido corpus de huesos humanos del yacimiento.

Optimistas no éramos. Es raro encontrar restos humanos del Paleolítico; casi todos los huesos descubiertos son de animales. De vez en cuando disponemos de restos esqueléticos o de algún hueso aislado, pero estos hallazgos son una exigua minoría en comparación con los restos de animales cazados por humanos y llevados a las cuevas por depredadores. ¿Valdría realmente la pena escudriñar todos esos fragmentos óseos? Al final, durante una pequeña cena organizada por Anatoli Derevianko, en algún momento de la noche, entre vodka y vodka, lanzamos nuestra idea. Anatoli y Michael Shunkov manifestaron su apoyo. Svante Pääbo se mostró también muy interesado; enseguida entendió que de esta manera se podrían obtener del yacimiento más huesos humanos aptos para su secuenciación genética, dado el alto grado de conservación biomolecular que allí se registra. Nos dieron luz verde. Anatoli quedó en que él y Michael nos traerían en nuestra próxima reunión —un congreso en Burgos más entrado el año— una bolsa con fragmentos de huesos para que empezáramos a trabajar.

En el caso de los homininos, ZooMS puede decirnos si un hueso es de la familia Hominidae, pero nada más. [2] En otras palabras, un gorila, un neandertal, un denisovano, un orangután, usted y yo mostraremos la misma secuencia de péptidos en el espectrómetro de masas. Lo que hace falta para alcanzar una mayor precisión, y para identificar adecuadamente la muestra, es la extracción y secuenciación de ADN.

Y para ello necesitaríamos contar con Svante y su grupo de investigadores.

Hasta esta visita a Denísova nunca había pasado mucho tiempo con Svante. Nos habíamos visto muy brevemente en un *pub* de Oxford junto con un grupo numeroso de personas, pero en Denísova, en aquellos encuentros reducidos para discutir proyectos, uno se codea de verdad con los colegas y llega a conocerlos. Yo había pasado más de una década viajando para tomar muestras en yacimientos y museos para distintos proyectos de datación. Cada vez que muestreaba un hueso neandertal para datarlo por radiocarbono, preguntaba si los conservadores estarían interesados en secuenciar su ADN. Y siempre recibía la misma respuesta: «La muestra está en Leipzig con Svante». Me acostumbré a las decepciones. Eso pasaba porque ellos eran los especialistas en los neandertales, y después en los denisovanos, por supuesto. Y los mejores.

Svante empezó a trabajar en el campo del ADN antiguo casi sin ayuda en la década de 1980 en el laboratorio de Allan Wilson en Berkeley. El departamento que ahora dirige en el Instituto Max Planck de Leipzig es el primero del mundo en genómica antigua. Es un sueco alto y bastante desgarbado, que dice mucho *«cool»* y tiene gran sentido del humor. Nos llevamos bien desde el principio y ahora somos excelentes amigos y colaboradores. Es de mente agudísima y un *geek* en el mejor sentido. [3]

Figura 16. Svante Pääbo (izda.) y el autor en la cueva de Denísova en el 2014.

El departamento de Svante celebra un encuentro anual para debatir sus programas de investigación. En cierta ocasión tuve la suerte de ser invitado a una de esas reuniones en Pula (Croacia), lo que me permitió conocer cómo compagina sus intereses como investigador con su gran equipo. Svante dirige un equipo de investigadores ya consagrados y de alumnos jóvenes y brillantes, personas todas de extraordinario talento.

La idea de probar ZooMS con las muestras de Denísova coincidió con el momento en que recibí una cuantiosa beca de investigación concedida por el Consejo Europeo de Investigación (ERC). [4] Parte de ese dinero pudimos destinarlo a procesar varios miles de muestras con ZooMS, y así, de vuelta en Oxford, comenzamos a preparar los fragmentos de hueso para analizarlos. Esta primera fase es la que lleva más tiempo: hay que serrar un pequeño fragmento de hueso de cada muestra, de unos 20 mg de peso, y después etiquetar un tubito de plástico para conservar el material y una bolsa también de plástico para la muestra ósea original.

A partir de aquí hace falta un poco de química.

Primero extraemos el «colágeno» proteico del hueso disolviendo casi todo el hueso con un ácido diluido. Después es necesario dividir el colágeno en péptidos únicos, para lo cual usamos un ingenioso método en el que se añade una enzima llamada «tripsina» a la solución colágena; por la acción de esta enzima, el colágeno queda cortado en péptidos individuales con precisión quirúrgica. (De hecho, la tripsina cumple la misma función en nuestro intestino, donde ayuda a digerir las proteínas. La próxima vez que se coma usted un buen filete, piense que estará efectuando el mismo proceso de digestión enzimática que practicamos nosotros en el laboratorio para encontrar huesos humanos en yacimientos arqueológicos.) Una vez separados los péptidos, se añade un producto químico que les permite después endurecerse y cristalizar; luego se depositan pequeñas cantidades de este material sobre placas de metal utilizando una pipeta multicanal. Esta placa se introduce posteriormente en un espectrómetro de masas.

Después se emplea un láser para estimular los péptidos y aplicarles una descarga. Una vez cargadas, las partículas viajan por un tubo corto hacia un detector; cuanto más pequeño sea el fragmento de péptido, más rápido será el viaje. En un período de tiempo muy breve pueden medirse las masas de todas las partículas de péptidos. Después, cada una puede compararse con una biblioteca de huesos previamente medidos e identificarse como perteneciente a una especie o, con más frecuencia, a un género.

Esta primera fase del trabajo, la de preparación, es laboriosa y requiere dedicación exclusiva. Katerina y yo nos pre-

guntamos si alguno de nuestros alumnos estaría interesado en participar en el proyecto. Por suerte para nosotros, aquel año contábamos con una nutrida cohorte de alumnos de máster, y uno de ellos, Samantha Brown, una australiana vivaz y muy motivada, se ofreció a trabajar en el proyecto para su doctorado.

Sam empezó a serrar huesos. Durante días permaneció desaparecida en la sala de perforación de nuestro laboratorio de Oxford, y a finales de enero ya había tomado muestras de 10 mg para analizar de más de 700 huesos. A mediados de febrero del 2015 fue en tren hasta el laboratorio de Mánchester dirigido por Mike Buckley, donde estuvo trabajando para analizar las muestras y aprendió a identificar las secuencias de péptidos.

Una semana después, el análisis de los espectros reveló que las muestras óseas pertenecían a osos, vacas, ciervos, perros, zorros, cabras, caballos, hienas, mamuts, ratones, conejos, renos, rinocerontes lanudos y ovejas. Pero no a la familia Hominidae. Nuestro intento había fracasado. Ni rasto de humanos.

Me resigné al hecho de que realmente estábamos buscando una aguja en un pajar, o más bien en un osario. No funcionó, pero al menos lo habíamos intentado. Sentí que le habíamos fallado a Sam; había puesto mucho empeño y obtenido algunos datos, pero no el resultado impactante que esperábamos.

Concertamos una reunión con Sam para analizar los resultados. Le dije que así y todo ahora contaba con muchos da-

tos valiosos en las identificaciones de huesos de animales, y que con eso bastaría, probablemente, para estructurar la base de su tesis; que podía relajarse un poco, tomarse su tiempo y escribir su tesis dentro del plazo. Fue entonces cuando Sam demostró lo mucho que valía. Me dijo que no, que no quería hacer eso, que quería continuar, cortar más huesos y seguir abrigando la esperanza de que apareciera un hominino. ¿Sería posible?

Teníamos suficiente presupuesto, así que ¿por qué no? El único problema era que nos habíamos quedado sin huesos, de modo que enviamos a Sam a Rusia y pocos días después regresó con otra bolsa grande de fragmentos óseos de Denísova, proporcionados amablemente por nuestros colegas rusos. Tres semanas después había reunido un total de 1308 muestras cortadas con la sierra, etiquetadas y listas para trabajar.

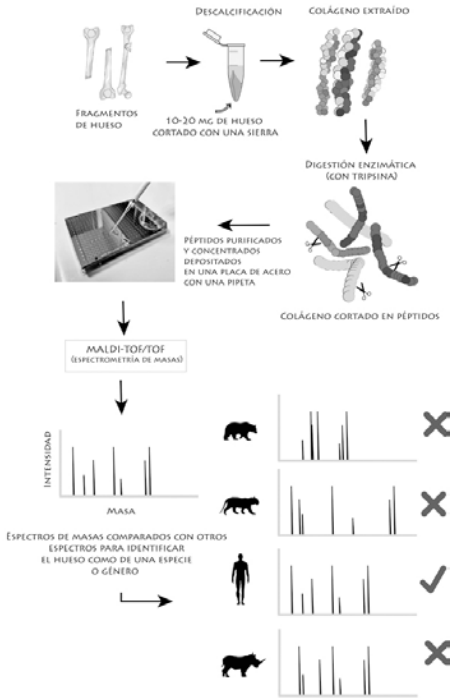


Figura 17. Método de uso de ZooMS para identificar huesos humanos.

Para entonces Sam se había ganado fama de laboriosa y perseverante. Se decía en broma que prácticamente vivía en el laboratorio, tomando muestras hueso tras hueso. Afirmó que disfrutaba haciéndolo, pero que era un trabajo muy repetitivo. Yo anhelaba el éxito. Un solo hueso sería suficiente, no me importaba el tamaño; cualquiera que demostrara que el método podía realmente funcionar.

Efectuado el muestreo, Sam volvió a Mánchester para realizar otros 780 análisis. Por desgracia, surgió un problema con el ordenador, así que no pudo regresar a Oxford con los datos; Mike prometió enviar los espectros lo antes posible. Al día siguiente por la tarde, viernes 19 de junio, se encontraba repasando los datos antes de enviarlos, y mientras

hacía un escaneo rápido de algunos de los espectros, reparó en algo.

Uno de los espectros parecía presentar los cinco marcadores de péptidos únicos que caracterizan a la familia Hominidae. ¡Tenía que ser un hominino! Lo comprobó repetidas veces y después, a las 20.09 horas, me envió un mensaje al que adjuntaba un correo electrónico con el encabezado «Éxito: ¡uno de los 780 de esta semana!», para contarme la extraordinaria noticia: ¡teníamos un hueso de hominino!

Mi respuesta, enviada un minuto después, a las 20.10, transmitía un poco de la enloquecida emoción del momento:

JODER JODER JODER!!!!!
JODER!!
MIERDA!!
DE VERDAD?????????
(aquí intento mantener la calma)>...
JODER.

Mis disculpas por el lenguaje florido, pero hay veces en la ciencia en que uno se deja arrastrar por la emoción y la alegría. ¡Habíamos encontrado un hueso de hominino!

Llamé inmediatamente a Sam a su móvil para compartir la noticia.

No hubo respuesta.

Más llamadas.

Móvil apagado.

Resultó que Sam se había ido a una fiesta de la universidad aquel viernes por la noche y su teléfono se había quedado sin batería. ¡Pues vaya! Habría que esperar. Bajé para

contárselo a Katerina. Bailamos alegremente en la cocina y abrimos una botella de vino.

A la mañana siguiente Sam leyó por fin el aluvión de emocionados mensajes que le había enviado; ni siquiera una resaca atroz pudo mermar su emoción. Lo habíamos logrado; ¡habíamos encontrado un hominino entre miles!

Y así, al lunes siguiente, Sam y yo nos vimos a las 9.00 para revisar las bolsas de huesos que había muestreado con tanta diligencia y encontrar el que correspondía al espectro hominino identificado; estaba codificado DC1227. Grabé el momento en vídeo con mi cámara mientras Sam revisaba los cientos de bolsas etiquetadas. Después de un par de minutos, ya tenía el hueso.

Era pequeñito.

Nuestra emoción frenó cualquier asomo de decepción. Tras haber trabajado con tanto afán para identificar este hueso, y siendo Sam y yo personas de carácter positivo, centramos nuestra atención en lo que podíamos hacer con él. Averiguamos que la muestra procedía del estrato 12 de la cámara este de Denísova, así que, con certeza casi total, tenía más de 60 000 años. Era necesario tratarlo con cuidado —después de todo, queríamos extraerle ADN—, así que lo manipulamos lo mínimo. Queríamos, eso sí, obtener un peso aproximado, que resultó ser 1,68 mg. Era más denso de lo que parecía. Esto podría ser un buen presagio para la conservación de biomoléculas como el colágeno y el ADN.

Estaba tan emocionado que aquella noche me costó trabajo dormir; la sensación de incredulidad no se me iba de la ca-

beza.

Decidimos obtener una tomografía computarizada, para lo que había que desplazarse hasta un laboratorio en la campiña de Oxfordshire. En esta ocasión Sam optó por llevar el hueso en una caja de plástico amarilla que le había dado, con asa y cierres herméticos especiales. Le envié un correo para concertar la hora del encuentro, añadiendo: «¡Ah, y Sam, no te olvides de llevar el hueso (en su maleta especial)!».

Sam respondió: «Nunca podría olvidarme de Denny (¡sí, le puse nombre!)».

«Me pareció que lo de DC1227 era un poco frío —dijo después—. Era como haber encontrado un nuevo amigo…»

Y tanto. A partir de ese momento, nuestro hueso se quedó con el nombre de Denny para siempre.

Resultó que la tomografía sería crucial para averiguar más sobre el huesecillo y su procedencia.

El siguiente paso era obtener la secuencia genética. Sam llevó la caja (con Denny dentro) al Instituto Max Planck de Leipzig, donde se perforaron cuidadosamente 30,9 mg de hueso antes de la extracción y secuenciación de ADN, inicialmente para ADNmt.

También extrajimos una parte del hueso para la datación radiocarbónica y el análisis de isótopos de carbono y nitrógeno. Esperábamos que, al proceder del estrato 12, la antigüedad de la muestra debería ser superior a 50 000 años, la edad máxima que puede calcularse con radiocarbono. Pero como queríamos estar seguros de que el hueso no era más

joven, sacrificamos una parte para la extracción y datación del colágeno. Y, en efecto, unas pocas semanas después, quedó confirmado: la edad del hueso superaba los 49 900 años, pero no sabíamos por cuánto.

Mientras esperábamos los resultados, vimos un trabajo nuevo y relacionado con el nuestro que había publicado el *Journal of Archaeological Science*.[5] Por suerte para nosotros, no habían identificado ningún hueso de hominino. Queríamos ser los primeros en demostrar que el método funcionaba y publicar un artículo, y habría sido decepcionante que se nos hubieran adelantado en el último momento. Estaba claro, sin embargo, que otros habían emprendido la misma senda que nosotros.

¡El 9 de septiembre recibimos la noticia de que Denny tenía una secuencia de ADN mitocondrial como el de los neandertales! El equipo del Max Planck había logrado recuperar un genoma mitocondrial casi completo. Habíamos encontrado un neandertal o, más correctamente, según las instrucciones que Svante había dado a su grupo, un hominino con ADNmt como el de los neandertales. A pesar de su incontenible felicidad, recuerdo que Sam sentía un punto de decepción; ya que teníamos un hueso de hominino, queríamos que fuera un denisovano. Un neandertal era fantástico, pero un denisovano habría sido el no va más. Los colegas y amigos a los que habíamos informado estaban verdaderamente asombrados de que con una técnica como ZooMS se pudiera identificar un minúsculo hueso humano entre miles, y de una persona que había vivido decenas de miles de años atrás.

El siguiente paso era la publicación. A Denny se le dio el identificador «Denísova 11». Remitimos el trabajo a *Scientific Reports* en diciembre del 2015 y, tras su revisión y aceptación, fue publicado el 29 de marzo del 2016. [6] Decidí adjuntar un comunicado de prensa sobre el hueso y cómo fue encontrado. Pensé que era una historia fantástica que podría interesar a mucha gente. A mi juicio, marcaba un punto de inflexión al demostrar la eficacia de los métodos bioarqueológicos para estudiar el registro arqueológico y encontrar diminutos restos fósiles.

La historia se quedó en nada. Solo la cubrió un reducido número de periódicos, ninguno de los importantes, y nadie de la prensa científica más prestigiosa. No llamó ningún periodista para entrevistarnos o comentar algo del trabajo. No importa…

Denny se sometió a continuación a una extracción de ADN nuclear (la practicó Viviane Slon como parte de sus investigaciones para el doctorado); es un trabajo muy complejo, así que pasaron meses sin noticias. En mayo del 2017 Katerina y yo estábamos en Alemania y nos pasamos por el Max Planck para ver los progresos del trabajo y tomar un café. Los miembros del equipo dijeron que había avanzado bastante y que los resultados iniciales eran alentadores, pero extraños, por lo que necesitaban confirmación. Cuando les pedí detalles específicos, nos hicieron jurar que guardaríamos el secreto y solo después nos comunicaron que los resultados parecían presentar un nivel inesperado de mezcla en el

ADN, que algunos de los genes parecían alinearse con el genoma denisovano y otros con el genoma neandertal. Era, dijeron, dividiendo *grosso modo*, mitad y mitad. Nos dijeron que la evidencia inicial indicaba que teníamos entre las manos lo que se llama un «híbrido genético F1». No había otra manera de expresarlo; Denny tenía dos progenitores: un padre denisovano y una madre neandertal.

Ojalá hubiese filmado en vídeo el momento en que me dieron la noticia; creo que debí de quedarme boquiabierto cuando me senté atónito y con los ojos como platos. Todos nos sentíamos así. Pensé: ¿cómo es posible? Debe de haber un error, una confusión, algún tipo de contaminación u otro fallo. Después, se repitieron las extracciones una y otra vez para estar seguros. El mismo resultado siempre. Era algo incomprensible. Le contamos a Sam la noticia «secreta», que quizá había encontrado un híbrido, no un neandertal, ¡pero algo en parte denisovano, a fin de cuentas!

Por último, se secuenció el genoma de Denny con una cobertura de 2,6×, lo que reveló que era una hembra. Para rastrear su linaje, se comparó su genoma con los genomas de alta cobertura neandertal (Denísova 5) y denisovano (Denísova 3), y, como control, con un genoma africano (mbuti) que no debería tener ADN de ninguno de los dos grupos. El análisis demostró que, en el 38,6 por ciento de las posiciones del genoma nuclear, Denny coincidía con el genoma neandertal, y en el 42,3 por ciento de las posiciones sus alelos coincidían con el genoma denisovano. Así pues, había efectivamente una división paritaria en cuanto a ADN aportado. Esto demostraba con rotundidad que la hembra era efectiva-

mente un F1, un vástago de primera generación de dos grupos humanos diferentes.

A partir de las tomografías computarizadas, y comparando el grosor cortical con valores de otros homininos, pudimos establecer que el hueso tuvo que pertenecer a una muchacha de no menos de trece años.

Poco a poco íbamos recubriendo de carne este huesecito de 2 cm de largo.

El trabajo con los resultados se publicó en línea en *Nature* el 22 de agosto del 2018, y un par de semanas después en la versión impresa de la revista como artículo de portada. [7] De la bonita portada se encargó la artista alemana Annette Günzel. Consistía en la imagen de dos manos unidas, una azul y otra roja, que pretendían representar a los progenitores homininos de Denny. Al fondo se veía un mapa de Eurasia. Una cadena de la doble hélice de ADN les pasaba por las manos y los antebrazos a modo de tatuaje.

En esta ocasión toda la prensa se hizo eco del comunicado. La noticia apareció literalmente en todas partes. Denny se convirtió en una de las mayores historias científicas del año. Viviane apareció en *Nature* como una de las Diez Personas Principales del año 2018. El genetista Pontus Skoglund dijo que Denny era «probablemente la persona más fascinante a quien le habían secuenciado el genoma». [8]

¡Qué placer descubrir todo eso y poder compartirlo después! ¡Mágico! Se me saltan las lágrimas al recordarlo de nuevo, lo digo de verdad.

Hay tres cuestiones sobre Denny que quiero abordar antes de que pasemos a otro punto. La primera es comprender la remota probabilidad que había de encontrarla y que, como vástago de primera generación de dos grupos humanos diferentes, representa un golpe de suerte increíble, algo excepcional. Las personas como Denny no podían ser casos comunes y corrientes, porque, de ser así, los genomas de neandertales y denisovanos serían iguales, y no diferentes. En la historia poblacional de neandertales y denisovanos se habían identificado cruzamientos con anterioridad. Desde el 2014 sabíamos que se había producido flujo genético desde la población neandertal de Altái hacia los denisovanos. [9] Así pues, basándonos en la genética las dos poblaciones estaban separadas, pero creo que debieron de cruzarse en las ocasiones en que se encontraban. Como es natural, puede que en el futuro descubramos más ejemplos de cruzamiento y más vástagos de primera o segunda generación, pero lo creo menos probable. Me parece más bien que tuvimos mucha suerte. [10]

Sin embargo, otra observación curiosa a partir del genoma de Denny proporcionó nuevos indicios sobre el cruzamiento y su frecuencia. En cinco puntos de su genoma nuclear había tractos de ADN con predominio de ADN exclusivamente neandertal, lo que demostraba que el padre denisovano de Denny había tenido un antepasado (o antepasados) neandertal cientos de generaciones antes. El ADN del neandertal introgresor reveló, además, otras evidencias interesantes sobre los antepasados de la madre de Denny. Su ADN indicaba que procedía de una población de neandertales diferente de los que se habían cruzado con los antepasados del padre de

Denny. Resulta que estaba más estrechamente emparentada con un individuo neandertal de 50 000 años de antigüedad de Croacia, del yacimiento de la cueva de Vindija, que con otro neandertal posterior de la cueva de Denísova. Esto indicaba que, o bien los neandertales occidentales habían emigrado al Altái, o que los neandertales del este se habían desplazado a Europa y habían sustituido a los neandertales europeos. La genética, por tanto, nos permite comprender importantes movimientos poblacionales del linaje neandertal durante este período.

El último asunto que quiero abordar brevemente tiene relación con los restos humanos.

A lo largo de mi carrera he tomado muestras de cientos y cientos de huesos humanos para analizarlos con radiocarbono e isótopos estables. Durante décadas sentí el orgullo de no hallarme emocionalmente vinculado a ellos, de ser alguien apartado y distante del individuo antiguo de quien tomaba muestras. No importaba la edad: 100 años, 1000 años, 10 000 años; para mí siempre contó la ciencia, no el individuo. He trabajado con los restos esqueléticos de Ricardo III, John Merrick (el llamado «Hombre Elefante»), faraones egipcios, perros y momias, santos y víctimas de asesinato; siempre he mantenido un semblante sereno y circunspecto, respetuoso por el hecho de estar trabajando con los restos de personas reales. Pero con Denny cambió mi actitud. Quizá se debió al intenso trabajo de encontrarla, y a los altibajos y sinsabores del proceso, pero descubrir quién era se convirtió para mí en algo personal, más allá de la mera ciencia.

Mientras escribo estas líneas en mi despacho, el minúsculo resto de Denny se encuentra a mis espaldas envuelto en una bolsa de plástico dentro de su cajita amarilla, así que tal vez por eso siento su presencia con especial intensidad. Denny fue hasta entonces un ser anónimo, como lo son tantos restos humanos en arqueología, y este huesecillo es quizá el último fragmento que sobrevive de su persona. Pero poco a poco hemos podido devolverla a la luz, insuflarle nueva vida y reconstruir aspectos de su existencia. De esta manera creo que hemos empezado a honrar su memoria y a contar al mundo su historia. A lo largo del proceso, Denny la «muestra», Denny el «hueso», se ha convertido en Denny la persona.

Capítulo 8

La ciencia del «cuándo»

«Todo cuanto procede de los remotos tiempos paganos flota ante nosotros dentro de una espesa niebla, en un período inconmensurable. Sabemos que es más antiguo que el cristianismo, pero si esa mayor antigüedad se cifra en años o en siglos —o incluso en más de mil años— es cuestión de mera conjetura y, en el mejor de los casos, de hipótesis solo probables.»

Así dijo el anticuario y filósofo danés Rasmus Nyerup en 1806. Como alguien que trabaja en un laboratorio científico donde se puede datar con precisión cuándo sucedieron los hechos en el pasado, con frecuencia he pensado en la queja de Nyerup y en lo maravilloso que sería para él conocer cómo ha variado el conocimiento del componente temporal de la historia humana desde su época hasta ahora; sería fabuloso transportarlo en una máquina del tiempo desde 1806 hasta el presente para enseñarle nuestro laboratorio e iniciarlo en lo que aquí hacemos.

Para situar a Denny, y otros restos humanos de la cueva de Denísova, en una perspectiva adecuada, necesitamos saber *cuándo* vivieron. La cronología es decisiva. Sin una fór-

mula para ordenar los acontecimientos pasados, resulta imposible establecer qué ocurrió y cuándo; solo se obtiene la espesa niebla de Nyerup. Ya conocemos las dataciones de otros yacimientos donde se han encontrado denisovanos o posibles denisovanos: Xuchang, Xiahe, Xujiayao; pero ¿y la antigüedad de los hallazgos en la propia Denísova?

Antes de marzo de 1949 los arqueólogos tenían que confiar en lo que denominamos «datación relativa». Este método se circunscribió inicialmente al Mediterráneo oriental y, en concreto, al registro histórico de Egipto. Comparando vasijas y otros objetos egipcios de antigüedad ya conocida, era posible inferir las edades de piezas similares encontradas en otras zonas del Mediterráneo oriental. La datación relativa quedaba restringida, tanto geográfica como temporalmente. Poco a poco, este marco comparativo se extendió por Europa con más amplitud, pero fue siempre relativo, nunca absoluto.

Sin embargo, el 4 de marzo de 1949 se publicó un artículo de consecuencias sísmicas en el diario *Science* que marcó el principio de un cambio significativo en la datación del pasado. [1] Escrito por Willard Libby, científico de la Universidad de Chicago que había trabajado anteriormente en el Proyecto Manhattan, origen de las primeras armas nucleares, describía un método nuevo que permitiría a los arqueólogos de todo el mundo datar las muestras arqueológicas. El único prerrequisito era que el material objeto de datación hubiera pertenecido alguna vez a un organismo vivo. Carbón, huesos, conchas, madera: todo podría datarse con este método nuevo. Eso representaba una revolución en la arqueología y

en otras ciencias, y le reportaría a Libby la concesión del Premio Nobel de Química en 1960.

La datación radiocarbónica tiene casi setenta años y ha pasado por varias revoluciones desde la invención de esta técnica. Una de ellas es el empleo de aceleradores de partículas para medir el isótopo ^{14}C. El radiocarbono es el isótopo radiactivo del carbono, pero no se halla presente en cantidades lo bastante significativas que entrañen un peligro para los humanos, así que lo denominamos un «isótopo radiactivo de bajo nivel». Para que nos formemos una idea de lo bajo que es este nivel, en comparación con la mayoría del carbono del mundo, que existe en la forma de carbono 12, o ^{12}C, por cada 1 000 000 000 000 de átomos de ^{12}C tenemos un átomo de ^{14}C. Así que nuestra máquina debe ser lo bastante sensible para detectar al menos un átomo entre un billón. El método de espectrometría de masas con aceleradores (AMS) permite datar muestras de miligramos, del tamaño de una cuarta parte de un grano de arroz, y con rapidez. Por lo general analizamos una muestra en menos de veinte minutos, pero, en realidad, el instrumento es tan avanzado que, incluso al cabo de 40 segundos, nos hacemos una idea bastante precisa de su antigüedad real. Podemos datar material hasta el límite del método, que ronda los 50 000 años de antigüedad. Esto se debe a que la vida media del radiocarbono son 5568 ± 30 años. Así, cada 5568 años la cantidad de ^{14}C en cualquier material se reduce a la mitad. Dos vidas medias son 11 136 años, tres vidas medias son 16 704 años, y así sucesivamente, hasta que al cabo de nueve vidas medias nos remontamos a más 50 000 años atrás, cuando casi no queda

ningún ^{14}C que medir. [2] Está aceptado que diez vidas medias son el máximo que puede alcanzar cualquier método radioisotópico.

El laboratorio que dirijo en Oxford fue uno de los primeros del mundo dotados de aceleradores, y el único centro científico especializado en la datación de muestras arqueológicas. Casi nunca datamos muestras que no sean arqueológicas. Esto se debe a que, a diferencia de casi todos los demás laboratorios, nosotros estamos adscritos a un departamento de arqueología, curiosamente fundado a raíz del descubrimiento de Libby. El radiocarbono alumbró la ciencia arqueológica como campo de investigación.

Cuando vine a Oxford por primera vez en el 2001, una de las primeras personas que conocí fue un arqueólogo del Paleolítico llamado Roger Jacobi, a quien ya nos encontramos páginas atrás como el científico que lamía huesos para averiguar si los habían pegado. Roger llevaba trabajando en el Paleolítico británico desde que era un joven estudiante, y había entregado personalmente en el laboratorio muchísimas muestras de yacimientos neandertales y de los primeros humanos modernos para su datación por radiocarbono, más, en realidad, que cualquier otra persona. Sin embargo, estaba empezando a darse cuenta de que datar muestras de entre 30 000 y 50 000 años era más complicado de lo que creía al principio. La dificultad principal es que al incrementarse la antigüedad disminuyen los niveles de ^{14}C susceptibles de medición. Con una antigüedad de 30 000 años, solo hay el 3 por

ciento del ^{14}C que tenemos hoy; con 40 000 el porcentaje se reduce al 0,7 por ciento, y con 50 000 al 0,1 por ciento. Las muestras pueden verse cada vez más afectadas por pequeñas cantidades de carbono contaminante, con lo que los resultados se desvían de su antigüedad real. Una muestra de hace 50 000 años, por ejemplo, cuando se contamina con el 1 por ciento de carbono moderno, da 14 500 años menos de edad. No es difícil imaginar que esto es un desastre completo para la datación de una pieza del orden de 30 000-50 000 años de antigüedad, como ocurre con muchos huesos de los yacimientos arqueológicos mencionados en este libro.

Roger acudió a mí para ver cómo podían obtenerse dataciones más fiables. Estaba particularmente interesado en datar huesos. Los huesos resultan atractivos para los arqueólogos porque son los restos físicos de personas de tiempos pasados o los restos de los animales que les servían de sustento, y así la datación de huesos permite datar a las personas y determinar cuándo vivieron en un yacimiento arqueológico. Por entonces habíamos empezado a utilizar un método prometedor llamado «ultrafiltración», que mejoraba la eliminación de contaminantes en huesos arqueológicos antes de datarlos con AMS.

Para datar huesos necesitamos extraer primero el colágeno, la proteína principal de la matriz ósea. En torno al 80 por ciento del hueso es hidroxiapatita, un mineral con base de carbonato. Las proteínas componen alrededor del 20 por ciento restante de la masa ósea, y el 95 por ciento de esta es colágeno. El colágeno es una molécula de triple hélice integrada por tres cadenas de polipéptidos, cada una de las cua-

les consta de 1000 aminoácidos. Para su extracción y posterior datación debemos primero perforar o aplastar el hueso hasta reducirlo a polvo y pasar después unos 500 mg (el volumen aproximado de media cucharadita de azúcar) a un tubo de ensayo, añadiéndole ácido hidroclorhídrico diluido. Lentamente el ácido disolverá la hidroxiapatita, dejando el colágeno. Después de varios pasos de limpieza «gelatinizamos» el colágeno calentándolo en agua ligeramente ácida durante 24 horas. Poco a poco las partículas de colágeno se desenredan de su formación de triple hélice para convertirse en tres cadenas de polipéptidos únicos. De esta manera las partículas se separan de partículas no colágenas y potencialmente contaminantes, que ahora podemos eliminar para quedarnos con la gelatina, el componente principal de la «jalea». Después se procede a la ultrafiltración.

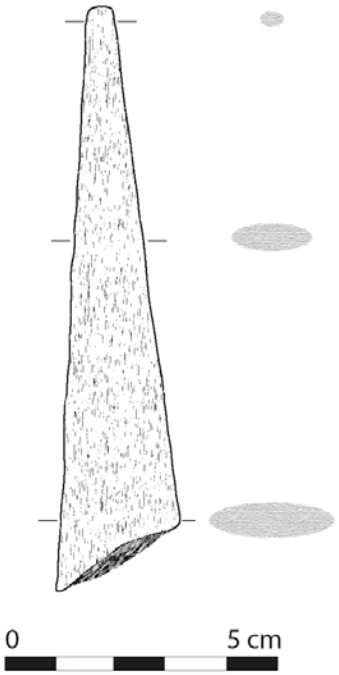


Figura 18. Punta del hueso de Uphill.

Un ultrafiltro es como un cedazo, pero a escala molecular. Conocemos el peso de las cadenas de polipéptidos de los aminoácidos: cada una pesa alrededor de 95 000 dáltones. [3] El ultrafiltro que usamos permite que conservemos las cadenas más grandes, aquellas cuyo tamaño supera los 30 000 dáltones, y que las partículas de menor tamaño pasen por el filtro. Este método nos permite mejorar sensiblemente la calidad del colágeno y eliminar formas de carbono más pequeñas y potencialmente contaminantes.

Cuando conocí a Roger, ya habíamos realizado algunas pruebas preliminares del método de ultrafiltración y demostrado que surtía un efecto relevante en los huesos contami-

nados, pero nos faltaba todavía aplicarlo a casos arqueológicos reales. Empezamos este trabajo con Roger, centrándonos en las muestras que le parecían erróneas o discordantes con los restos arqueológicos. Una de ellas era la muestra de una punta de hueso procedente de Uphill, en Somerset. La punta era característica del Auriñaciense, la industria lítica de los primeros humanos modernos que aparece en Europa junto con algunos de nuestros antepasados más remotos. La datación inicial con AMS era 28 080 ± 310 AP. [4] Esta muestra inglesa tenía unos 4000-5000 años menos que las puntas de hueso equivalentes encontradas en lugares como Francia y Bélgica. Roger lo explicaba señalando que el desplazamiento de los humanos modernos a las islas británicas pudo haberse retrasado por el deterioro de las condiciones climáticas, de suerte que quizá se establecieron allí después que en otras partes de Europa.

Cuando Roger me la trajo a Oxford para que la perforara, tomamos cuidadosamente una muestra, extrajimos el colágeno y lo ultrafiltramos. El resultado fue unos 4000 años más de antigüedad, 32 000 ± 230 AP en perfecta concordancia con ejemplos del mismo tipo de artefactos encontrados en el continente. Parecía que la ultrafiltración era un paso clave para obtener una antigüedad más fiable.

Animados, ampliamos nuestro trabajo a otros yacimientos y finalmente a toda Europa. Esto nos dio la oportunidad de trabajar en algunos de los principales yacimientos arqueológicos franceses, con secuencias estratigráficas profundas, que abarcan el período de los últimos neandertales y la llegada de los primeros humanos. Trabajamos en más de 40 yaci-

mientos de España, Italia, Alemania, Francia, Bélgica y Grecia. Pero tras haber colaborado conmigo en varios artículos decisivos y llegar a ser uno de mis mejores amigos, por desgracia Roger falleció en el 2009. Con solo sesenta y dos años, se hallaba en el ápice de sus capacidades y camino de encontrar las respuestas al trabajo de toda una vida. Lo único que me mantuvo motivado para seguir fue saber que era lo que él habría querido: publicar el resto de nuestros resultados y los frutos de casi una década de esfuerzo.

Nuestro artículo principal se publicó por fin en el 2004. Se había tardado más de cinco años en recopilar y analizar todas las muestras de las muchas regiones en que habíamos trabajado. Nos habíamos propuesto explorar la relación temporal entre los neandertales y los humanos modernos en Europa. Nuestros resultados demostraron que los humanos modernos y los neandertales habían coexistido entre 2500 y 5000 años en el continente, en coincidencia temporal, pero sin vivir necesariamente los unos junto a los otros. Abordaremos las implicaciones de este importante trabajo en el capítulo 14. El artículo se publicó en *Nature*, con Roger citado a título póstumo en último lugar (sénior) en la relación de autores. [5] Después de aquello era ya el momento de pasar página. Quería ensanchar mi campo de investigación y me entusiasmó la perspectiva de trabajar en Rusia.

En el 2010 los ojos del mundo paleoantropológico se posaron en la cueva de Denísova, pero todavía quedaban preguntas fundamentales sin responder sobre la muchacha Deníso-

va 3 y la población denisovana. Una de las grandes incógnitas del yacimiento era la antigüedad de los restos humanos. Se disponía de algunas dataciones radiocarbónicas, pero estas arrojaban resultados dispares: algunas les atribuían más de 50 000 años, mientras que según otras no rebasaban los 17 000 años. Esto confirmaba las sospechas de que se había producido un cierto grado de mezcla en los sedimentos arqueológicos en la secuencia de la cámara este. Por lo que respecta a la antigüedad del importantísimo hueso Denísova 3, la interpretación inicial apuntaba a que podía tener solo 30 000 años, o más de 50 000, [6] pero nadie podía estar del todo seguro por la notable disparidad de los resultados del radiocarbono.

Estaba convencido de que podíamos mejorar aquel trabajo. Pensé que, si éramos capaces de datar un número elevado de muestras, podríamos investigar la llamada «tafonomía» del yacimiento y determinar si la mezcla representaba o no un problema real. Se denomina tafonomía a la ciencia que estudia los procesos de fosilización: cómo las muestras de huesos, carbón vegetal y otros materiales llegaron a depositarse en el yacimiento. A veces el material puede ser «residual», es decir, que ya se encontraba en el yacimiento antes de la ocupación humana. En otras ocasiones puede ser «intrusivo», a saber, que ha sido transportado de una parte del yacimiento a otra por el carroñeo animal o por excavaciones y escarbaduras de los humanos. Nuestra tarea consiste en escoger las mejores muestras y, para evitar la posibilidad de datar material residual, normalmente procuramos obtener huesos que estén «en articulación», lo que significa que to-

davía se encuentran en su posición anatómica correcta; así queda demostrado que no se han desplazado tras su deposición en el yacimiento. En la cueva de Denísova, sin embargo, no existen huesos de esta clase, por lo que debemos seleccionar materiales que estén «humanamente modificados». Esta categoría comprende huesos que todavía presenten marcas visibles de corte, resultado de su procesamiento con útiles de pedernal, o artefactos y objetos fabricados por humanos. Es la única manera de datar cuándo habitaron personas en el yacimiento.

La necesidad de efectuar más trabajos de datación radiocarbónica era por tanto imperiosa, y para llevarlos a cabo se requería la colaboración entre científicos rusos y occidentales. A diferencia de Europa, donde los arqueólogos se habían beneficiado de las inversiones en infraestructuras científicas y proyectos de investigación, sus colegas rusos habían soportado momentos muy difíciles en los años postsoviéticos. En Rusia no había aceleradores de radiocarbono, y, aunque sí se contaba con muchos investigadores con talento, estos se veían limitados por carecer del equipamiento técnico más moderno. Mi investigación pretendía establecer cuándo, y mediante qué procedimiento y ruta, los humanos modernos habían salido de África para expandirse por Eurasia. Si bien mis trabajos previos se habían centrado en Europa, hasta el punto de excluir todo lo demás, sabía que era preciso estudiar yacimientos de Eurasia para obtener una perspectiva de conjunto. Estaba deseoso de aplicar nuestros flamantes métodos de datación a nuevos yacimientos del período de transición del Paleolítico Medio al Superior, entre 50 000 y 30 000

años atrás, para averiguar cuándo los humanos, neandertales y denisovanos habían ocupado yacimientos en Eurasia. Anatoli Derevianko mostró un vivo interés en colaborar, y con arduo esfuerzo y buena suerte logré obtener la financiación mencionada en el capítulo anterior, que permitió la puesta en marcha del proyecto.

En febrero del 2012 me desplacé hasta Novosibirsk para tratar con Michael Shunkov y Anatoli los preparativos del proyecto de investigación y para consensuar la forma en que íbamos a trabajar. Hacía un frío espantoso, con temperatura media de -20 ℃ en invierno. Pusimos especial énfasis en la importancia de datar directamente artefactos y huesos humanamente modificados para así poder datar con precisión la presencia de humanos en el yacimiento.

Resulta una experiencia increíble poder tocar y manipular muestras de las joyas y ornamentos más antiguos que se han elaborado en Eurasia. Hace quizá 45 000 años, o incluso más, el registro arqueológico revela los restos de dientes deliberadamente perforados de animales como hienas, zorros, renos y osos. Estas piezas debieron de llevarse alrededor del cuello, no sabemos si solas o juntando varias. Tampoco podemos estar seguros de qué finalidad cumplían. ¿Era sencillamente para lucir mejor? ¿Disfrutaban las personas exhibiendo ornamentos, como hacemos hoy, o había algo más? ¿Significaban algo estos materiales, quizá la pertenencia a un grupo o a un sistema de creencias compartidas? Me pregunto también cómo llegaron estos elementos a formar parte del registro arqueológico y fueron a parar a los sedimentos de la cue-

va. ¿Se perdieron, o cayeron al suelo accidentalmente, o fueron desechados porque ya no se querían o necesitaban?

Figura 19. Colgante con un diente de reno perforado de la cueva de Denísova.

Hoy estos objetos son extraordinariamente valiosos, y para establecer su antigüedad teníamos que aplicar un sistema muy cuidadoso que redujera los daños al mínimo. Después de años muestreando huesos, he ideado una técnica de perforación llamada de «ojo de cerradura» que nos permite extraer muestras de objetos preciosos con el mayor cuidado. Practicando un agujero de 2-3 mm de ancho en el diente, puedo utilizar internamente mi fresa dental, ensanchando la abertura por dentro, pero manteniendo solo el pequeño agujero externo para que salga un flujo continuo de dentina blanca o polvo óseo. Gracias a este método pudimos datar muestras minúsculas sin causar un daño externo importante.

Katerina y yo tomamos muestras en varios viajes a la cueva de Denísova y las llevamos a Oxford para su datación con radiocarbono. Con el primer conjunto se pretendía confirmar la hipótesis de que en los estratos 11.1-11.4 de la cámara este, última morada de Denísova 3, estaban mezcladas las edades. Al estudiar minuciosamente en el yacimiento las

secciones transversales de los sedimentos arqueológicos, pudo comprobarse que en algunas zonas había áreas aparentemente más abigarradas e indicativas de perturbación. Éramos conscientes de que durante milenios habían vivido en el yacimiento carnívoros como hienas, que excavaban madrigueras para sus crías, y que esto podría influir en el registro arqueológico. Por suerte, junto a Michael Shunkov y su equipo, pudimos seleccionar muestras fiables de los que nos parecieron estratos sin mezcla. Pudimos identificar algunas muestras encontradas a centímetros del hueso Denísova 3, y otras de encima y de abajo. De vuelta al laboratorio, Katerina pasó varias semanas extrayendo colágeno y preparando las muestras antes de pasarlas por el acelerador.

El momento en que las muestras se introducen en la gran máquina es siempre emocionante. Como se señaló más atrás, solo se tarda unos minutos en obtener las edades generales. Con frecuencia llamo al laboratorio para que los técnicos me pongan al corriente sobre alguna de las últimas remesas de muestras. Recuerdo haber pedido a nuestros técnicos de AMS que revisaran las primeras once dataciones que obtuvimos. Los resultados fueron sensacionales. Diez de ellas tenían más de 50 000 años, y la única más reciente procedía de un nivel superior, en el llamado Paleolítico Superior Temprano, un período datado hace unos 45 000-35 000 años. Entonces fuimos conscientes de la alta probabilidad de que Denísova 3 rebasara los límites del radiocarbono: más de 50 000 años.

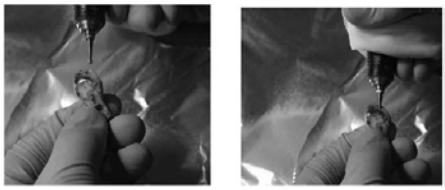


Figura 20. Toma de muestras de un ornamento dental de Denísova con la técnica del «ojo de cerradura».

Quedaba mucho trabajo por hacer. Casi todos los sedimentos del yacimiento antecedían a la datación radiocarbónica, lo que obligaba a emplear otros métodos. La «datación óptica» es una técnica que permite medir las edades de granos expuestos a una radiación de bajo nivel en los yacimientos arqueológicos. Al equipo de Denísova se habían incorporado Richard «Bert» Roberts y Zenobia Jacobs, dos de los mayores expertos en la datación óptica que, como Katerina y yo, estaban casados. [7] Ahora estaban trabajando con el equipo de Denísova para poner números a los estratos sedimentarios que superaban el rango de la datación radiocarbónica. La pareja llegó a datar un gran número de granos minerales únicos procedentes de los sedimentos. La datación directa nos permite determinar si esos granos se han desplazado o no dentro del yacimiento. Si muchos granos presentan variaciones de antigüedad, podría deberse a mezclas posdeposicionales; si son todos iguales, probablemente el sedimento no ha sufrido perturbaciones.

La toma de muestras para la datación óptica es un trabajo laborioso. Esto se debe a que el sedimento no puede exponerse a ninguna clase de luz, porque de lo contrario la señal que se quiere medir quedaría destruida y el reloj de luminiscencia se pondría a cero. Por este motivo la toma suele efec-

tuarse de noche, y no es raro que los científicos ópticos trabajen hasta las tres o las cuatro de la madrugada en una cueva oscura tomando muestras de sedimentos para su datación.

A fines del 2015 estábamos listos para empezar a analizar los resultados antes de publicarlos. Pero había un problema de primer orden. Todas las dataciones de que disponíamos, que por entonces rondaban las 40, procedían de las capas altas del yacimiento, mientras que todos los huesos humanos, cuya edad queríamos saber, eran de un nivel inferior. Además de ser más antiguos que el límite del radiocarbono, eran tan pequeños que no podían datarse directamente. ¿Cómo podíamos establecer su edad? Bert y Zenobia se pondrían a datar el sedimento en que aparecieron, pero ese trabajo llevaría su tiempo.

Fue entonces cuando a Katerina se le ocurrió una brillante idea: utilizar modelos bayesianos para incluir las dataciones calculadas a partir de las tasas de mutación mitocondrial obtenidas en cada una de las siete muestras denisovanas y neandertales que habíamos extraído del yacimiento. Suena complicado, desde luego. Permítaseme explicarlo.

Al establecer la cronología radiocarbónica de un yacimiento, recurrimos por lo común a una técnica revolucionaria llamada «modelación cronométrica bayesiana» para obtener los resultados finales. Thomas Bayes fue un matemático del siglo XVIII interesado en la doctrina del azar y la probabilidad. La estadística que concibió nos permite incluir el elemento de la creencia anterior o inicial en el análisis estadísti-

co de la probabilidad. Este procedimiento se combina con observaciones o datos nuevos para calcular la posibilidad de que suceda algo.

Imaginemos, por ejemplo, que le pido a usted que asigne una probabilidad a la afirmación «Tom Higham irá a trabajar en bicicleta». En un principio, sin conocerme, usted pensaría que la probabilidad es baja, porque la mayoría de la gente va a trabajar en coche o en transporte público; podría decirse que la probabilidad es del 15 por ciento. Pero si yo le dijera que vivo en el centro de una ciudad como Oxford, entonces su cálculo podría aumentar, digamos, hasta el 50 por ciento. Como se suministra más información, su cálculo de probabilidad varía. Si después le dijera que el día anterior me había lesionado jugando al tenis, su cálculo de probabilidad podría bajar al 5 por ciento o incluso menos. Esta información previa es la médula de la inferencia y la estadística bayesianas. En esencia, el teorema de Bayes puede resumirse en esta función: *creencia inicial* × *nuevos datos* α *creencia mejorada.* [8] - [9]

Los métodos bayesianos para la datación y la cronología con radiocarbono se desarrollaron en la década de 1990 y son interesantes porque nos permiten incluir en el análisis no solo los resultados de la datación, sino estas otras fuentes importantes de información relevante, los llamados «priores». [10] En este caso los datos previos suelen incluir la estratificación de los sedimentos arqueológicos. Sabemos que estos sedimentos se superponen en orden desde el más reciente en lo alto hasta el más antiguo al fondo, a menos que concurran circunstancias excepcionales, como una mezcla pos-

deposicional. También podemos incluir información procedente de otras técnicas de datación: la antigüedad de monedas encontradas en el yacimiento, la presencia de depósitos de cenizas volcánicas ya datados en otros yacimientos, el hecho de que un yacimiento sea anterior al poblamiento europeo en 1836, etc. Con programas informáticos potentes podemos combinar todos estos tipos de información para calcular nuevas distribuciones de probabilidad, llamadas «posteriores», que arrojen un cálculo más preciso de las dataciones de los yacimientos arqueológicos.

Por suerte, mi laboratorio de Oxford cuenta con uno de los mejores especialistas bayesianos en radiocarbono: Christopher Bronk Ramsey. No es lo más habitual utilizar la palabra «genio» para describir a un colega, pero Chris es precisamente eso. Katerina, Chris y yo empezamos a construir un modelo bayesiano para el yacimiento con el propósito de incorporar los datos de la tasa de mutación de ADNmt junto con las otras fuentes de información cronométrica de que disponíamos, para intentar establecer la antigüedad de los restos fósiles denisovanos. Tuvimos la suerte de poder usar algunas de las edades ópticas preliminares obtenidas por Bert y Zenobia para ayudar a consolidar parte del modelo. Los resultados iniciales parecían alentadores, pero todavía había algo que no acababa de funcionar. Los rangos de edad generados para los restos fósiles eran bastante imprecisos y quedaban incertidumbres preocupantes en nuestros resultados con el modelo. Nuestras estimaciones de incertidumbre en las tasas de mutación no eran realistas. Uno de los alumnos de doctorado en genética de Leipzig que observó este

problema nos recomendó para resolverlo un análisis estadístico denominado «distribución de Erlang». [11] Nunca había tenido noticia de la distribución de Erlang, así que fui a hablar con Chris Bronk Ramsey en el despacho contiguo para ver si él sabía algo.

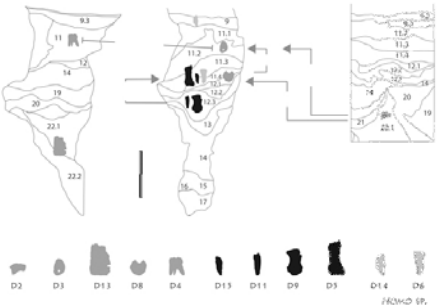


Figura 21. Base del modelo bayesiano que construimos. Aquí se muestran los estratos excavados en cada una de las cámaras. Las siluetas muestran los restos de denisovanos y neandertales, así como de *Homo* sin identificar. Las líneas muestran las diferencias de antigüedad entre los huesos fósiles calculadas mediante análisis de ADN mitocondrial. La diferencia entre Denísova 3 y Denísova 4, por ejemplo, osciló entre 3700 y 6900 años. Esto nos sirvió para ordenar la secuencia arqueológica de arriba abajo. En el modelo se utilizaron también las edades radiocarbónicas y ópticas de las distintas capas.

¡Y vaya si sabía! Después de oír mi pregunta sobre no sé qué incertidumbres de Erlang, asintió, giró su silla y empezó a codificar. En unos quince minutos lo había resuelto. Con un tranquilo «Debería funcionar...», apretó el botón «Ejecutar» y salió el modelo. ¡Brillante! El modelo era ahora mucho más sólido y preciso. Al fin teníamos el código para un modelo que nos daría cálculos numéricos sobre la edad de los homininos de la cueva de Denísova. Más de un siglo después de su invención, un método concebido para calcular la capa-

cidad de las redes telefónicas del mundo nos había ayudado a datar a los denisovanos.

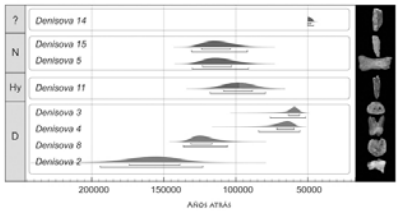


Figura 22. Edades finales establecidas para todos los restos fósiles de la cueva de Denísova. N = neandertales, D = denisovanos, Hy es, por supuesto, Denny la híbrida, y la asignación a Denísova 14 es dudosa.

El trabajo se publicó en *Nature* en enero del 2019 con mucho interés por parte de la prensa y una gran celebración de nuestro grupo en un *pub* de Oxford. [12] En el mismo número publicaron Bert y Zenobia los resultados de su labor complementaria en la datación óptica de la cueva de Denísova.

Nuestro trabajo reveló varias cosas interesantes. En primer lugar, habíamos datado directamente los ornamentos, y eran más antiguos que cualquier otro que hubiéramos datado en Eurasia: entre 43 000 y 49 000 años. Era un descubrimiento muy importante porque si, tal como esperábamos, su elaboración se había debido a humanos modernos, podía significar que nuestros antepasados humanos estuvieron en Altái antes que en casi todo el resto de Eurasia occidental. Nuestros ornamentos datados eran demostrablemente más antiguos, por ejemplo, que cualquier pieza similar datada previamente en Europa occidental. En segundo lugar, ahora disponíamos de cálculos de antigüedad de todos los restos humanos. Al denisovano más antiguo, Denísova 2, le asignamos 195 000 años. Después teníamos un grupo de neanderta-

les y denisovanos de hace ~100 000-125 000 años. Curiosamente, eso viene a coincidir con la época del llamado «último interestadial», cuando las condiciones climáticas eran parecidas a las actuales. Esa fue también la datación que asignamos a Denny: hace unos 100 000 años (79 300-118 000 años). En tercer lugar, para Denísova 3, el hueso del meñique, teníamos un cálculo de 51 600-76 200 años. Esta antigüedad coincidía con la datación obtenida usando otra técnica genética basada en el genoma nuclear, y, lógicamente, por las similitudes en el genoma del ADNmt que mencionamos en el capítulo 5, era casi idéntica a la edad de Denísova 4, el diente grande de la cámara sur.

Fundándonos en las dataciones de sedimentos y en la presencia de los primeros artefactos en las capas inferiores del yacimiento, sabemos que Denísova estuvo ocupada desde hace quizá 300 000 años. De hace 200 000 años tenemos ADN denisovano, así como evidencia fósil y arqueológica de su presencia. De hace unos 190 000 años detectamos y datamos además ADN neandertal en los sedimentos de la cámara este. El grueso de los restos fósiles neandertales corresponden al más templado último interestadial, hace unos 120 000 años. Este es el período en que con certeza casi total se hallan también presentes los denisovanos, que explican la existencia de Denny, que tenía un progenitor de cada grupo. A renglón seguido los neandertales desaparecen de Altái, pero aún no estamos seguros de cuándo y por qué. Parece que los denisovanos se quedaron. Denísova 3 y 4 son los últimos restos fósiles con que contamos y estas personas habitaron en el yacimiento hace 51 000-55 000 años. En algún momen-

to posterior, los denisovanos desaparecen finalmente de la cueva para no regresar jamás. Suponemos que se trasladaron a otros parajes o se extinguieron.

Las cuestiones fundamentales que no pudimos aclarar fueron cuándo llegaron los humanos modernos a Altái y qué se encontraron a su llegada. ¿Elaboraron ellos los ornamentos y objetos de carácter simbólico del yacimiento y del resto de la región? Por ahora no existe evidencia de humanos modernos en los estratos donde encontramos los ornamentos; de hecho, no queda resto alguno de humanos modernos. ¿Pudieron estos ornamentos de suma relevancia ser obra de denisovanos? Abordaremos estas cuestiones en el capítulo siguiente.

Capítulo 9

Tras el rastro de la diáspora humana moderna

Para los arqueólogos, resulta difícil rastrear los movimientos de grupos de personas a través del tiempo y el espacio. En el Paleolítico en particular, como hemos visto, la presencia de restos humanos es escasa. Para seguir el rastro de los primeros humanos modernos en su progresiva dispersión por las vastas extensiones de Eurasia, tenemos que recurrir al análisis meticuloso de útiles líticos de un gran número de yacimientos arqueológicos excavados, e intentar, cuando sea posible, asociar grupos humanos conocidos a esos yacimientos.

Esto suele ser difícil, porque durante milenios los humanos modernos, los neandertales y probablemente también los denisovanos fabricaron tipos muy similares de herramientas. Establecer un autor concreto sobre la base del análisis lítico es, por tanto, sumamente complicado. Sin embargo, durante el período en que se produjo el reemplazo de nuestros primos arcaicos por humanos modernos, la llamada transición del Paleolítico Medio al Superior, aparecen nuevos tipos de herramientas, y por primera vez podemos asociar con más certeza grupos o conjuntos específicos de artefactos con gru-

pos humanos concretos. En el capítulo 2, por ejemplo, quizá recuerde el lector que mencionamos el Auriñaciense, una industria lítica estrechamente asociada a los primeros humanos modernos de Europa en razón de los fragmentarios restos humanos encontrados junto con herramientas de piedra de dicha industria. Asimismo, también mencionamos el Châtelperroniense, un tipo de utensilios líticos algo anterior que muchos consideran vinculados a los restos físicos de neandertales y, por tanto, obra suya.

Figura 23. Distribución de yacimientos del Paleolítico Superior Inicial (PSI) por Eurasia y el norte de África. T-P es Tenaghi Philippon. [1]

Algunas de las industrias líticas más curiosas de ese período reciben la denominación general de Paleolítico Superior Inicial. Coinciden con el final del Musteriense, hace unos 50 000-40 000 años, un período asociado a los neandertales y previo al Paleolítico Superior, estrechamente vinculado a su vez con los humanos modernos. Tanto yo como muchos otros nos hemos propuesto determinar si podemos usar esta coincidencia como rasgo distintivo de la expansión de los primeros humanos modernos por Eurasia. Si podemos probar la mano de los humanos modernos en este tipo de industria lítica, contaremos con un medio de rastrear por primera vez su dispersión por inmensas extensiones del continente.

En el polvoriento desierto del Néguev en el sur de Israel, sobre la ladera de una colina al borde de la carretera, hay un yacimiento llamado Boker Tachtit. Si se conduce hora y media hacia el noreste, se llega a la fortaleza de Masada en el mar Muerto. A un kilómetro de Boker Tachtit se encuentra el kibutz de Midreshet Sede Boquer, el lugar de retiro —y las tumbas— del antiguo primer ministro David Ben-Gurión y su esposa.

En la década de 1970, un equipo de arqueólogos dirigido por Tony Marks vino a excavar a Boker Tachtit. Descubrieron cuatro estratos arqueológicos superpuestos, desde el estrato 1 en la base del yacimiento hasta el estrato 4 en su cima. Los útiles líticos que identificaron resultaron indicativos de una fase de transición una vez comparados con la industria lítica musteriense presente en la región durante decenas de miles de años.

La laboriosa reconstrucción de algunos útiles líticos excavados permitió determinar con exactitud cuándo se habían fabricado. A veces, con perseverancia, se pueden reensamblar lascas de pedernal previamente extraídas en la Edad de Piedra, como si se tratara de un rompecabezas tridimensional muy difícil de resolver. Eso permite a los arqueólogos reconstruir la llamada *chaîne opératoire*, o secuencia operativa, y establecer la metodología precisa con que fueron fabricadas, paso a paso, las herramientas líticas. También nos permite averiguar si los fragmentos de pedernal reensamblados se encuentran en estratos arqueológicos diferentes, lo que nos dice mucho sobre si los materiales de un yacimiento están mezclados o han permanecido en su posición original.

Los remontajes de Boker Tachtit confirmaron que prácticamente no se produjo movimiento de material entre los estratos, lo que significa que podemos interpretar la evidencia con seguridad y rastrear los cambios a través del tiempo arqueológico.

Las personas que vivían en Boker Tachtit fueron modificando paulatinamente los métodos que empleaban para hacer puntas de útiles líticos, destinadas probablemente a usarse en lanzas y armas similares. En un principio utilizaron, sobre todo, el método Levallois, pero esto cambió con el tiempo y al final de la ocupación ya empleaban un nuevo método de talla bidireccional para elaborar refinadas puntas de lanza. [2] A la altura del estrato arqueológico final, el estrato 4, el método Levallois prácticamente había desaparecido y los útiles líticos eran del tipo del Paleolítico Superior. [3] Los estratos 1-3, por otra parte, eran emiranos: una industria lítica del Paleolítico Superior Inicial que recibe su nombre de otro yacimiento donde aparecieron por primera vez herramientas similares. Estos niveles pertenecían claramente al período de transición que se aparta de la tradición lítica musteriense de base Levallois predominante en la región durante miles de años.

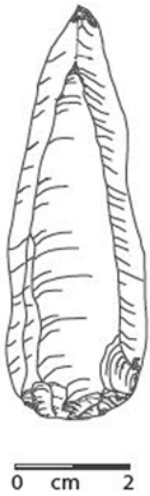


Figura 24. Punta emirana (redibujada según Belfer-Cohen y Goring-Morris 2007; véase nota 165).

Existe evidencia de que estos cambios pudieron haberse producido con bastante rapidez. Circula por Israel la broma de que puede verse el proceso de transición al Paleolítico Superior en un solo útil lítico. Las pocas dataciones radiocarbónicas de Boker Tachtit indican que esta transición del Paleolítico Medio al Superior tuvo lugar hace 50 000 años. En los últimos años se han llevado a cabo nuevas excavaciones [4] con la finalidad específica de obtener nuevas evidencias cronológicas, pero mientras se escribía este libro aún no se habían publicado, de modo que las primeras dataciones no pueden aún verificarse.

Así pues, ¿quién fabricaba estas herramientas del Paleolítico Superior Inicial? ¿Fueron los neandertales, de quienes sabemos que poblaron la región en época muy temprana, o pudieron ser los primeros humanos modernos? En sus pesquisas sobre dispersiones ancestrales, los arqueólogos bus-

can constantemente evidencia de alguna novedad que pudiera ser el resultado de un movimiento poblacional a una nueva zona. ¿Pudo esta industria lítica ser parte de ese desplazamiento?

La franja mediterránea de Israel, Palestina y el Líbano es una región fundamental en estas controversias sobre la evolución humana tardía. Disponemos de evidencias de humanos modernos en estos parajes hace 120 000 años, quizá incluso antes, en los yacimientos de Skhul y Qafzeh, que mencionamos en el capítulo 1. Después ocurre algo interesante: los humanos modernos desaparecen y son reemplazados por los neandertales, hace unos 60 000-70 000 años. Este ha sido, durante muchas décadas, el único lugar donde contamos con evidencia de este tipo de reemplazo. Por lo general, cuando observamos un reemplazo, son los humanos modernos, supuestamente superiores, quienes reemplazan a los neandertales, cuya inferioridad se da por sentada. En el Levante parece ocurrir lo contrario.

Marks y sus colegas compararon la industria lítica emirana que encontraron con otros yacimientos del Levante. El más importante era el de Ksar Akil, al norte de Beirut.

El Ksar Akil fue excavado por primera vez por tres jesuitas (los padres Ewing, Doherty y Murphy) entre 1937-1938 y 1947-1948, y después, en la década de 1970, por un equipo francés. La secuencia arqueológica cubría desde el Musteriense hasta los últimos 10 000 años, con una asombrosa profundidad de 23 m bajo un enorme saliente rocoso. En los niveles XX-XXIII, a dos tercios del camino hasta la base del ya-

cimiento, el equipo había excavado una industria lítica que, como Mark pudo ver, era idéntica a los materiales de algunos niveles de Boker Tachtit. [5] Sin embargo, la importancia del yacimiento estriba en lo que los jesuitas habían encontrado.

En 1938 los excavadores se toparon con los huesos de dos humanos. El mejor conservado era el esqueleto de un niño de unos ocho años, enterrado bajo una cubierta protectora de rocas pulidas por la lluvia, al que bautizaron como «Egbert». Muy cerca se encontraron los restos de una segunda persona. Emocionados por el descubrimiento, pero aterrados por el inminente estallido de la Segunda Guerra Mundial, los jesuitas decidieron interrumpir la excavación. Cubrieron el enterramiento con 10 cm de hormigón para protegerlo hasta que pudieran regresar más adelante. En vez de tomar la ruta más corta para volver a Estados Unidos, el padre Ewing decidió dirigirse hacia el este, con el claro propósito de evitar la agitada situación en Europa. Viajó por Bagdad, Basora y Bombay, y por último llegó a Filipinas, donde, enfrascado y distraído por el estudio antropológico de las tribus de la isla de Mindanao, se quedó de 1939 a 1940. Por desgracia, esta decisión se demostró un grave error, porque fue capturado por los japoneses y encarcelado durante tres largos años (una «internidad», según sus palabras). [6] Las valiosas notas, películas y fotografías de la expedición que llevaba consigo fueron incautadas y, lamentablemente, destruidas.

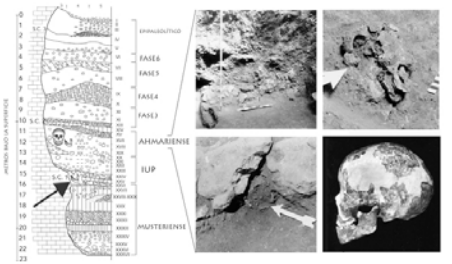


Figura 25. La sección estratigráfica (izda.) muestra la sucesión de capas arqueológicas del yacimiento de Ksar Akil. Puede verse el emplazamiento de Egbert (a la dcha. durante la excavación y después de la reconstrucción). Ethelruda aparece a la izquierda, y la flecha indica su posición en el PSI.

Acabada la guerra, en 1947, Ewing y el padre Doherty regresaron al Líbano decididos a rematar el trabajo que habían empezado y reanudaron las excavaciones hasta 1948, cuando llegaron al fondo del yacimiento. Los restos de Egbert, cubiertos por una tonelada de roca, fueron exhumados y enviados por barco a Estados Unidos. Ewing tardó un año en extraer con cincel el cráneo,[7] que en 1953 fue triunfalmente devuelto al Museo Nacional de Beirut. Pero durante el caos de la guerra civil libanesa, a partir de 1975, la pieza se extravió y no ha vuelto a aparecer. Todo lo que tenemos son los vaciados que hizo Ewing, gracias a los cuales es posible identificar a Egbert como un humano moderno.[8]

Una inmensa cantidad de huesos animales excavados en el yacimiento fueron enviados al Museo de Historia Natural de Londres para su análisis antes de ser remitidos al Rijksmuseum van Natuurlijke Historie de Leiden, después convertido en el Naturalis Museum. A fines de la década de 1950 se encontró, mezclado con estos materiales óseos, un fragmento parcial de una mandíbula humana, bautizado después como

«Ethelruda», [9] que también ha sido identificado como un humano moderno. El análisis minucioso de la caja donde había aparecido permitió determinar con exactitud de dónde procedía el hueso: nivel XXV. Ewing había escrito que este nivel estaba «indudablemente asociado a un cambio importante en los rasgos geológicos y la tradición lítica». Ahora sabemos que era el principio de la fase del Paleolítico Superior Inicial en el yacimiento. En el mismo estrato, cerca de donde Ethelruda estaba sepultada, había una única punta emirana, la clásica punta lítica representativa de esta industria. Parece, entonces, como si los humanos hubieran sido los responsables del Paleolítico Superior Inicial en el Ksar Akil.

Mi mujer, Katerina Douka, ha trabajado mucho en el yacimiento del Ksar Akil, sobre todo en la cronología de la secuencia. En el 2015 llegamos por fin a Beirut y fuimos al Ksar Akil con la doctora Corine Yazbeck, de la universidad libanesa. El yacimiento es muy distinto ahora de cuando lo excavaron los jesuitas. Las construcciones por las empinadas laderas del valle calizo en que se asienta han cambiado el paisaje circundante y amenazado la conservación del yacimiento. Aunque goza de protección oficial, las edificaciones industriales le han puesto cerco. Todavía es posible ver en la hierba la tenue silueta de la antigua cuadrícula de la excavación e imaginar el duro trabajo de aquellos jesuitas clasificando entre el polvo las toneladas de material del yacimiento. Gracias a ellos podemos tener una mayor certeza de que el Paleolítico Superior Inicial del Ksar Akil y, probablemente, Boker Tachtit fueron obra de humanos modernos.

Los arqueólogos han reunido datos de otros yacimientos con industrias líticas similares, y la distribución que presentan es sorprendente. En el norte de África encontramos el Paleolítico Superior Inicial en el yacimiento de Haua Fteah; en Europa, en yacimientos como Brno-Bohunice en la República Checa; y también en Oriente Próximo y una franja de territorio de Asia central. Los yacimientos más orientales se extienden hasta Altái, el lago Baikal e incluso China. Se trata de industrias similares, pero geográficamente muy dispersas. [10]

Parece haber al menos tres posibles explicaciones para este patrón. La primera es que podría indicar el movimiento de una idea a través de un paisaje, cuando grupos diferentes se imitan unos a otros. La segunda es que quizá sea una consecuencia de la dispersión de un grupo de personas que llevan consigo la misma o parecida tradición cultural. La tercera es que podría ser el resultado de una convergencia, en la que distintos grupos, aislados unos de otros, desarrollan tecnologías similares de manera independiente.

Para resolver la cuestión deberemos explorar con más detalle el registro arqueológico asociado a la aparición del Paleolítico Superior Inicial con métodos científicos modernos y técnicas bioarqueológicas. Necesitaremos confirmar si el mismo grupo humano fue su responsable en todas las regiones, o si, como en el Musteriense, hubo más de un autor.

Durante la década pasada he participado en varios de estos yacimientos del Paleolítico Superior Inicial, desde Francia hasta el norte de África, y desde Georgia hasta Rusia, in-

tentando averiguar precisamente eso. Uno de los yacimientos más singulares e importantes en que he trabajado es la Grotte Mandrin, en el valle del Ródano, en la Francia mediterránea.

Mandrin se emplaza en lo alto de un risco escarpado sobre la orilla este del Ródano. El Ródano es un río caudaloso, solo superado por el Nilo en cuanto al volumen de agua que vierte en el Mediterráneo 120 km al sur del yacimiento. Hoy el río forma parte de una ruta arterial que atraviesa Francia de norte a sur, y, sin duda, era lo mismo en tiempos prehistóricos.

Tengo colegas que llevan excavando aquí más de quince años. [11] Viajé al yacimiento por primera vez en el 2007. Debo confesar que en aquella ocasión no me impresionó nada excepto las vistas; parecía un yacimiento pequeño y sin especial relevancia. Resultó, sin embargo, que era mucho más rico de lo que yo creía: en los años transcurridos desde entonces se han excavado más de 60 000 útiles líticos y más de 70 000 restos óseos. Entre toda esta abundancia de material apareció algo muy importante. Se trataba de una industria lítica, ya identificada con anterioridad en un reducido número de yacimientos de la región del Ardèche (un *département* del sureste de Francia entre Lyon y Montpellier), que no se parecía a nada visto hasta entonces. No era el Musteriense, eso estaba claro, puesto que se caracterizaba por una amplia variedad de herramientas, desde hojas hasta laminillas, fabricadas todas con tipos de piedra distintas de las del Musteriense. Se le había llamado «Neroniano», por otro yacimiento cercano donde habían aparecido materiales similares en la

década de 1960, pero esta industria difería tanto de las ya conocidas que mis colegas estaban convencidos de que contenía los rasgos distintivos de un grupo nuevo; a su juicio debía de ser obra de humanos modernos. Lo curioso era que después de que terminara el Neroniano en Mandrin, había regresado el Musteriense, así que aquí teníamos lo que se ha denominado un «interestratificación», en la que los neandertales del Musteriense habían sido reemplazados por modernos, que después habían sido sustituidos una vez más por neandertales. Lo cual resulta insólito.

Y el yacimiento encierra otra evidencia muy interesante. La boca del abrigo mira directamente al norte, a los dientes del mistral que transporta aire frío y húmedo desde el norte. El mistral sopla de promedio unos cien días al año, ganando velocidad al encajonarse por el valle del Ródano en su viaje hacia el sur. Por término medio su velocidad es de 50 km/h, pero a veces alcanza hasta 100 km/h. Una vez, en la cima del Mont Ventoux, se midieron vientos de 350 km/h.

En el nivel E se encontraron tres toneladas de rocas que parecían intencionadamente dispuestas en círculo. El centro estaba casi limpio de material. La finalidad de las rocas parece clara: quienquiera que estuviese viviendo allí en aquel momento había construido cuidadosamente un cortavientos, un refugio para protegerse de los embates del mistral. Uno puede imaginarse las estacas de madera y las pieles que completaban la estructura de piedra, a la manera de un tipi de los nativos americanos. Si esta interpretación es correcta, sería una de las evidencias más tempranas de la construcción

de un refugio en la historia humana, unos 30 000 años o más antes de que encontremos algo parecido.

Cuando el equipo buscó los paralelismos más cercanos a la industria lítica neroniana en otros yacimientos, comprobó que el material de los niveles XX-XXV del Paleolítico Superior Inicial del Ksar Akil y de yacimientos como Boker Tachtit era el que más se le aproximaba. El análisis completo de las herramientas líticas reveló que la industria neroniana contiene evidencia de proyectiles que parece diferente de todo lo visto antes en Europa, entre ellas, según se ha apuntado, la evidencia más antigua de la tecnología del arco y la flecha; de ser cierto, sería algo extraordinario.

He trabajado más de una década con el equipo de excavación en la datación del yacimiento, y en particular del nivel fundamental, el E, que contiene la industria neroniana. Para nuestra sorpresa, cada datación individual que obteníamos rebasaba el alcance del radiocarbono, superando, por tanto, los 50 000 años. Esto, a mi entender, significaba que no podía ser obra de humanos modernos, puesto que esas fechas anteceden a su presencia en Europa. Así pues, empleamos métodos de luminiscencia y más dataciones radiocarbónicas en capas superiores de la secuencia, y al final conseguimos demostrar que el Neroniano databa de hace ~49 000-53 000 años.

¿Podía tratarse realmente de humanos modernos? De ser así, precedía con mucho a todo lo visto hasta ahora en Europa.

Entonces apareció algo que zanjó la cuestión.

Por toda la secuencia arqueológica se encuentran dientes humanos. En los niveles musterienses, todos son neandertales, como cabría esperar en Europa occidental. En los dos niveles arqueológicos principales que siguen al estrato neroniano también son neandertales. En los niveles auriñacienses, de hace unos 41 000 años, se hallan presentes restos humanos modernos, algo previsible habida cuenta de los materiales encontrados en otros yacimientos con esta industria. En el nivel neroniano apareció un solo diente, y al mapear su morfometría y su forma para contrastarla con otros hominínos, se correspondía claramente con los humanos modernos: era un diente humano moderno, 8000 años anterior a cualquier otra evidencia encontrada en Europa.

Parece, pues, que en Mandrin tenemos algo completamente nuevo. En lugar de que los neandertales fueran reemplazados por humanos modernos en Europa hace unos 41 000-43 000 años, parece que los modernos llegaron muchísimo antes; sin embargo, no perduraron, y fueron a su vez reemplazados por neandertales. Fue solo unos 7000-8000 años después cuando los humanos modernos repoblaron una vez más la zona, en esta ocasión en mayor número y en muchos más yacimientos.

Es la primera vez que encontramos una interestratificación como esta en Europa: primero neandertales, después humanos modernos, luego neandertales de nuevo, a continuación, humanos modernos. Esto es sumamente significativo, pero ¿cómo podemos explicar lo que ocurrió en Mandrin? ¿Cómo pudieron los humanos haber penetrado en territorio neandertal con tanta anterioridad a lo que considerá-

bamos posible? Tengo dos opiniones a este respecto. La primera concierne a la población de neandertales en Europa hace 50 000 años. Contamos con evidencia de que se hallaban sometidos a cierto grado de estrés en cuanto a su diversidad genética, que era baja (abordaré este punto con más amplitud en el capítulo 14). Un estudio de ADN mitocondrial en trece neandertales demostró que parecían haber pasado por un cuello de botella y una contracción poblacional. [12] Podemos imaginarnos a grupos neandertales posiblemente aislados unos de otros hace unos 50 000 años y con una población menguante. Quizá este fue el momento en que los humanos modernos efectuaron la incursión inicial. Pero ¿por qué los humanos modernos no se quedaron en Europa? ¿Por qué los neandertales los reemplazaron más adelante?

Creo que una de las claves la encontramos en los registros climáticos.

En la Grecia nororiental, una extensa zona de antiguas turberas llamada Tenaghi Philippon proporciona una evidencia decisiva. Tenaghi Philippon ha dado uno de los registros más largos y detallados del cambio climático en Europa: un núcleo de 200 m de profundidad, que abarca 1,35 millones de años, nos ilustra sobre el clima cambiante que ha caracterizado la región. El núcleo demuestra que hace 54 000 años el clima de la Tierra estaba entrando en una fase de interestadial o condiciones de más calor. Como hemos visto más atrás, el clima de la Tierra en la Edad de Hielo se hallaba sometido a tal grado de ciclicidad que aproximadamente cada 1000 años pendulaba del frío extremo al calor para después regresar de nuevo al frío. Hace 54 000 años el clima osciló

hacia el calor. Este período, conocido como Interestadial 14, duró, sin embargo, mucho más que el milenio habitual; de hecho, fue la fase más larga de condiciones interestadiales registrada en los últimos 70 000 años. El calentamiento del clima surtió efectos en los árboles de estas latitudes medias. Tenaghi Philippon registra un aumento del polen en árboles de bosques caducifolios templados como el roble, lejos de especies típicas de la fría estepa. El principal factor desencadenante fue el aumento de las precipitaciones. Más al sur, los registros muestran un incremento del caudal desaguado por el Nilo en el Mediterráneo como respuesta a la mayor humedad y los climas más benignos del norte de África. La causa de estos cambios fue el desplazamiento del ciclo de lluvias monzónicas hacia el norte del continente, que pudo haber influido en medios naturales favorables al desplazamiento de humanos desde África hacia el Levante, y de ahí quizá a toda Eurasia. Las dataciones de algunos de estos yacimientos del Paleolítico Superior Inicial abonan esta hipótesis.

Sin embargo, hace 48 000 años el clima fluctuó de nuevo en un sentido especialmente perjudicial para los humanos. [13] Fue el H5, un denominado «evento Heinrich» que siguió al derrumbe en los márgenes de la gigantesca capa de hielo laurentina que cubría casi toda la Norteamérica septentrional. En tiempos prehistóricos, un inmenso número de icebergs se derretían periódicamente en el Atlántico. Esta ingente aportación de agua dulce helada afectaba al paso de agua salada templada a través del Atlántico hasta los confines de Europa. Cuando esa fuente de calor se interrumpió, las temperaturas se habrían desplomado en Europa hasta

condiciones propias de la Edad de Hielo y el clima experimentaría un rápido deterioro. La datación del evento H_5 coincide con el final de la ocupación del *Homo sapiens* en la cueva de Mandrin, bien porque se extinguieron, bien porque se marcharon. Quienes habitaron después en el yacimiento eran neandertales. El H_5 podría ser la clave para comprender lo que ocurrió en Mandrin y, en última instancia, por qué los humanos no permanecieron en Europa. Quizá no estaban bien adaptados al frío y no pudieron soportarlo. Casi puede uno imaginarse los esfuerzos desesperados de los moradores de Mandrin por resistir. Construyeron estructuras para protegerse del frío creciente y de las penalidades climáticas, pero no bastó. Su presencia en Francia, relativamente breve, tocaba a su fin y poco después los neandertales dominaron Europa de nuevo. Los neandertales triunfaron en la Europa de la Edad de Hielo hace 48 000 años mientras los humanos modernos se extinguían en estas regiones. Habrían de pasar miles de años hasta que los neandertales se encontraran otra vez con los humanos modernos en esta parte del mundo.

A todas estas, por los confines orientales de Eurasia todavía nos quedaban asuntos pendientes. Nuestro trabajo de datación en Denísova se había centrado en establecer la antigüedad de los restos humanos, pero también habíamos obtenido dataciones relevantes de los muchos objetos ornamentales del yacimiento. Como se recordará del capítulo anterior, la datación de estas piezas las situaba hace entre 43 000 y 49 000 años, pero aún no teníamos respuesta para la pregunta más compleja y difícil: quién las había hecho. La mayoría de los especialistas vinculaban estos objetos con los

humanos modernos porque en Europa están asociados casi exclusivamente con nosotros. No obstante, entra en lo posible que también los neandertales estuvieran elaborando colgantes con dientes perforados no muy distintos de los de Denísova, como vimos en el capítulo 2.

¿Pudieron los denisovanos ser los artífices de ornamentos similares tan al este? Nuestros colegas rusos pensaban que indudablemente sí, y basaban su conclusión en un meticuloso análisis de los útiles líticos de la cueva de Denísova, desde los estratos inferiores hasta los superiores. [14] Según ellos, parece observarse una lenta y constante evolución de los utensilios en la secuencia de Denísova desde el Paleolítico Medio hasta el Paleolítico Superior Inicial, que demuestra una *continuidad*, y no la introducción de esta tecnología desde el exterior.

En noviembre del 2017 me encontraba en Novosibirsk con Sam Brown para tomar más muestras para nuestro trabajo con ZooMS. Después de una noche de copas con nuestro traductor (que consistió en tomar más cócteles de la cuenta con los colores de la bandera rusa en las bengalitas), se había convocado por sorpresa una reunión a las diez de la mañana del día siguiente con nuestros colegas rusos Anatoli Derevianko y Michael Shunkov; querían repasar en detalle el borrador de nuestro trabajo de datación, sobre todo en lo relativo a la presencia de humanos modernos en Altái. Una muy buena idea, pero quizá no tanto a aquella hora del día, ni en nuestro estado resacoso. Durante más de cinco horas, muy calentitos en el despacho de Anatoli, estuvimos discutiendo

todos los pormenores del trabajo, de sus interpretaciones y de las nuestras.

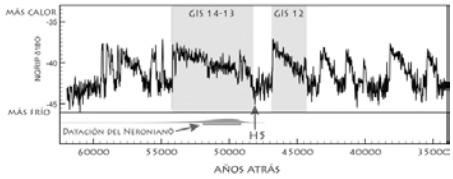


Figura 26. Cuadro comparativo de la datación de la ocupación de humanos modernos en Mandrin durante el Neroniano con el evento climático H_5 ocurrido hace unos 48 000 años; pasarían más de 4000 años hasta que los humanos modernos fueran vistos nuevamente en Europa. GIS significa «Interestadial de Groenlandia»; GIS 14-13 es la fase más larga de condiciones templadas que vemos durante este largo período de tiempo. El gélido H_5, el evento Heinrich señalado con la flecha, interrumpe este período.

Michael y Anatoli consideraban que no había restos de humanos anatómicamente modernos en Denísova, ni en la región de Altái, correspondientes a este período. La explicación más obvia, según decían, era que los responsables del Paleolítico Superior y de los ornamentos habían sido denisovanos. Mi parecer en aquel momento era diferente: yo creía más probable que se tratara de humanos modernos, y opinaba que teníamos algunos argumentos de peso a nuestro favor (aunque estaba dispuesto a creer cualquier cosa con tal de que me dejaran ir a dormir un rato). En primer lugar, la evidencia física de denisovanos era 50 000 años anterior. Denísova 3, el espécimen denisovano más joven, precedía al rango de datación que habíamos asignado a los ornamentos, como vimos en el capítulo anterior. En segundo lugar, estaba el humano de Ust'-Ishim…

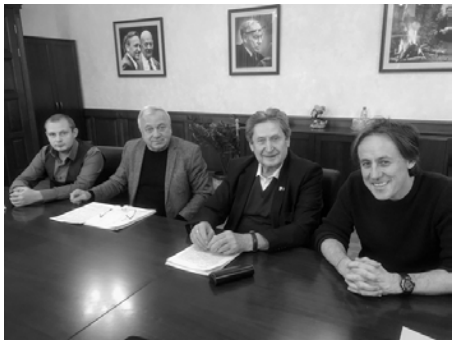


Figura 27. Reunión con (de izda. a dcha.) Maxim Kozlikin, Michael Shunkov y Anatoli Derevianko en Novosibirsk. No nos sentíamos lo que se dice muy bien en aquel momento…

En el 2011 se recibió un hueso de *Homo sapiens* en mi laboratorio para su datación radiocarbónica. No lo sabía en aquel momento, pero lo había encontrado en un remoto rincón de Siberia, cerca de un pueblo llamado Ust'-Ishim, un hombre que buscaba huesos de mamuts. [15] Estas piezas, congeladas desde la Edad de Hielo, pueden venderse por cuantiosas sumas de dinero, hasta 30 000 dólares en algunos casos, según se dice. El hombre había divisado un hueso extraño que asomaba a orillas del río Irtish cerca de Ust'-Ishim, y, reconociéndolo como probablemente humano, se lo enseñó a un amigo, científico forense, que se percató de su posible importancia y se ocupó de que llegara a manos de investigadores del Paleolítico.

Cuando analizamos la muestra —un fémur grande—, observamos la práctica ausencia de radiocarbono, lo que indicaba que debía de ser muy antiguo. Para nuestra sorpresa, el resultado le atribuyó una antigüedad de hasta 47 000 años. Para cerciorarnos, repetimos la datación tres veces con el mismo resultado.

Mientras trabajábamos en Oxford, en Leipzig el equipo de Svante Pääbo extraía ADN del mismo espécimen. Descubrieron que, entre la previsible secuencia de ADN humano moderno, había algo más muy sorprendente: porciones bastante grandes de ADN neandertal dispersos por el genoma. Los fragmentos de ADN eran mayores que los que vemos en los genomas de personas modernas, lo que indicaba que el Hombre de Ust'-Ishim había vivido más cerca en el tiempo de un evento de introgresión ancestral con neandertales. Cuanto más nos aproximamos a la fecha de introgresión, más fuerte es la señal genética ajena al *Homo sapiens* y más fácil resulta datar la mezcla. Imaginemos que, si un neandertal y un humano moderno se hubieran cruzado, habrían procreado un hijo con una división media del 50 por ciento de ADN neandertal y moderno. Si ese hijo se hubiera cruzado con otro humano moderno, el ADN del neandertal se habría reducido nuevamente en torno a la mitad. Paulatinamente, en el transcurso de sucesivas generaciones en las que solo quedaran humanos modernos con quienes cruzarse, ese ADN neandertal ancestral se iría dividiendo en porciones cada vez más pequeñas. Como vimos en el capítulo 4, esto se denomina «recombinación» y es así como a veces calculamos cuánto tiempo atrás se produjo la introgresión a escala generacional. [16]

Calculamos que el flujo de ADN neandertal a humanos ocurrió entre 232 y 430 generaciones antes de que viviera el Hombre de Ust'-Ishim, lo que significaría que hace unos 55 000 años los antepasados de Ust'-Ishim se habrían cruzado con neandertales. [17] Esto nos da una datación anterior a la

introgresión de ADN desde los neandertales hasta nosotros. [18]

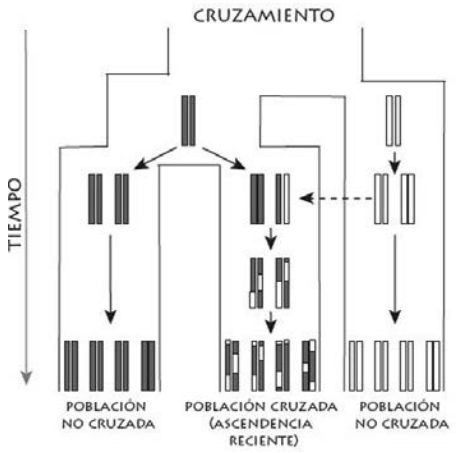


Figura 28. Funcionamiento de la mezcla y recombinación genéticas. Puede verse cómo porciones grandes de ADN mezclado se acercan al evento de introgresión cuando dos poblaciones antes separadas se cruzan. Cuanto más grande sea el bloque, más cerca estamos del cruzamiento (señalado con la flecha).

Nuestra datación de Ust'-Ishim sitúa a los humanos en Siberia hace 45 000-50 000 años, justo en medio de las dataciones obtenidas para los ornamentos de Denísova. Cuando comparamos la antigüedad de los ornamentos con las dataciones de Ust 'Ishim advertimos una coincidencia relevante, indicativa para mí de que la fabricación de estos objetos podía atribuirse con igual probabilidad al *Homo sapiens* que a los denisovanos. Al final, no pudimos demostrar ni lo uno ni lo otro; necesitábamos más evidencias para estar seguros.

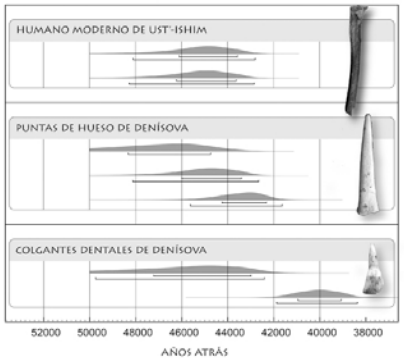


Figura 29. Dataciones radiocarbónicas del Hombre de Ust'-Ishim comparadas con las de puntas de hueso y ornamentos de la cueva de Denísova.

Sin embargo, el destino nos tenía reservado algo que arrojaría más luz sobre el problema. En julio del 2016, durante nuestro trabajo con ZooMS en la cueva de Denísova, tuvimos la suerte de encontrar, no uno, sino dos nuevos fragmentos de huesos de homininos procedentes de la cámara este. Denísova 15 venía del estrato 12 y Denísova 14 apareció en el estrato 9.3. El estrato 9.3 es un nivel arqueológico del Paleolítico Superior Temprano en el que nos habíamos centrado precisamente para abordar la cuestión de quiénes habían sido los autores de aquella industria. Ambos huesos eran minúsculos, de poco más de 20 mm de largo, pero con peso suficiente para la datación isotópica y, por supuesto, del ADN.

La datación radiocarbónica que obtuvimos para Denísova 14 fue de 46 300 ± 2600 AP —que, también en este caso, lo hace coincidir con las dataciones de los ornamentos y de Ust'-Ishim— y una antigüedad que se acerca a la calculada para el Paleolítico Superior Inicial en la cueva. Si este espécimen resultara ser un humano moderno, proporcionaría evi-

dencia adicional de que fueron estos los responsables del Paleolítico Superior Inicial.

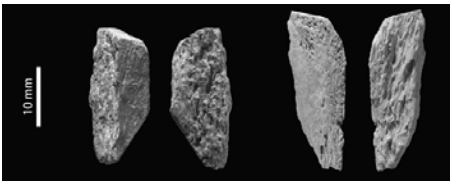


Figura 30. Los dos minúsculos huesos encontrados con ZooMS: Denísova 14 (izda.) y Denísova 15 (dcha.), mostrados desde dos ángulos. Estos dos pequeños fragmentos fueron los primeros huesos humanos que habíamos encontrado desde Denny, después de cribar en total más de 3500 fragmentos óseos.

Una vez más, tuvimos que esperar pacientemente a que Viviane Slon y los demás investigadores de Leipzig obraran su magia genética y nos dijeran lo que habíamos encontrado. Algo menos de un año después, Viviane obtuvo la respuesta de nuestros minúsculos huesos de Denísova analizados con ZooMS. ¿Sería Denísova 14 un humano moderno tal como creíamos? ¿O habría que asociar provisionalmente a los denisovanos con el Paleolítico Superior Inicial en Eurasia oriental?

En primer lugar, Viviane había extraído y secuenciado ADNmt. De Denísova 14 se extrajeron 99 secuencias de ADN, de las cuales 59 parecían concordar con ADN hominino y 40 procedían de ADN animal. Si eso suena alentador en términos de lecturas de homininos, no lo es: en contraste, Denísova 15 proporcionó 15 804 secuencias identificables que eran todas de ADNmt hominino. Denísova 15 tenía ADNmt del tipo neandertal.

Viviane investigó seguidamente qué tipo de ADN se hallaba presente en Denísova 14 comparándolo con bases de da-

tos de ADN mamífero, y resultó que el 2,1 por ciento de las secuencias identificables eran humanas. Los fragmentos de ADN, sin embargo, no eran antiguos, porque no presentaban ninguna de las modificaciones químicas del uracilo, esas ratios entre C y T que caracterizan el ADN antiguo; todos parecían ser segmentos de fuentes modernas con ADN contaminante. Otros fragmentos antiguos eran solo de mamíferos: hiena, caballo, ciervo y otras especies. ¡Maldición! No quedó más remedio que concluir que Denísova 14 no conservaba ADN hominino antiguo. El único ADN era de otros taxones y de contaminación moderna.

Aquello fue una tremenda decepción. Después de terminar su tesis de doctorado, Sam había trabajado durante semanas preparando muestras para ZooMS para nuestro proyecto. Desde Denny, con el número DC1227, había muestreado más de 2000 fragmentos óseos antes de que encontráramos a Denísova 14 y 15, así que había pasado mucho tiempo entre los resultados de ZooMS. Aunque teníamos un probable neandertal nuevo en Denísova 15, Denísova 14 podía haber sido la clave para desentrañar el misterio de quiénes fueron los autores del Paleolítico Superior Inicial en Denísova. Pero, lamentablemente, no nos dio la respuesta.

Nuestros colegas rusos creen que fueron denisovanos quienes fabricaron los útiles del Paleolítico Superior Inicial y lucieron los ornamentos encontrados. Quizá tengan razón; quizá estoy subestimando las capacidades culturales y cognitivas de estas personas, igual que nos pasó con los neandertales que los precedieron. Es posible que la situación no fuera tan sencilla y que hubiera más de un fabricante de estos

útiles y ornamentos. En los yacimientos que hemos estudiado en Europa y el Levante, parece, por lo sabido hasta ahora, que los humanos modernos estuvieron involucrados, y que la transición al Paleolítico Superior Inicial se desenvolvió en buena medida como un proceso vinculado al *Homo sapiens*. A lo largo de mi carrera he aprendido que en la carretera por la que se viaja para trabajar en el Paleolítico uno se tropieza con cinco o seis socavones, seguidos de una extraordinaria revelación, y después aparecen unos cuantos baches más. Haría falta más trabajo, más paciencia y más datos para confirmar nuestras conclusiones provisionales en esta fase.

Sin embargo, todavía nos quedaba una posibilidad de averiguar quién había fabricado los ornamentos de Denísova y otros yacimientos de Eurasia oriental, y nos vino de un lugar de lo más inesperado: la tierra.

Capítulo 10

ADN de la tierra

Un viernes por la noche en Oxford, durante la primavera del 2001, me encontraba en un *pub* con algunos genetistas del Centro de Biomoléculas Antiguas cuando se nos unió alguien a quien no conocía. El visitante era un investigador de posdoctorado danés recién llegado; parecía el bajista de una banda de *heavy metal*, con botas vaqueras, pelo largo y voz estropajosa. Después me enteré de que, siendo adolescente, se había perdido en las soledades nevadas de Siberia y había padecido congelación (de un testículo, nada menos), y que había sobrevivido gracias a que encendió un fuego y lo mantuvo ardiendo toda la noche. El nombre de este osado vikingo era Eske Willerslev y tiempo después se convertiría en una de las eminencias mundiales en ADN antiguo.

En 1999 Eske había sido el primero en recuperar ADN antiguo del hielo glacial. Quería saber si, en las regiones más frías del mundo, y quizá en otros lugares, sería posible extraer ADN de suelos y sedimentos. Se me encomendó la tarea de ayudarlo a datar con radiocarbono algunos de los yacimientos en los que había estado trabajando durante su estancia en Oxford y más tarde.

A mí la idea de Eske sobre el ADN en sedimentos me parecía algo descabellada. ¿Qué pasaba si el ADN se desplazaba hacia el subsuelo por las filtraciones de agua y la humedad? Sin duda alguna, un método así solo funcionaría en lugares donde pudiera demostrarse que esto no había ocurrido, como las regiones con permafrost. ¿No se disolvería el ADN en los suelos, sometido a procesos de degradación posdeposicionales? ¿Y qué pasaba con la contaminación por factores como las heces animales y la actividad agrícola humana?

Eske y su equipo demostraron más tarde que sí era posible extraer y secuenciar ADN de sedimentos e identificarlo como inequívocamente antiguo. El ejemplo más espectacular fue el material obtenido en lo más hondo de las capas de hielo de Groenlandia, a más de 2000 m. En la base de uno de los profundos núcleos helados de Groenlandia, con más de 400 000 años de antigüedad, él y su equipo encontraron ADN de plantas como pícea, aliso, pino, abedul y diversas hierbas que por lo común se encuentran en bosques boreales abiertos; [1] también hallaron ADN de escarabajos y mariposas. Eske pudo demostrar que hubo un tiempo en que el medio ambiente de Groenlandia era completamente distinto del que conocemos hoy.

En el 2003, en Siberia, su grupo encontró 19 tipos diferentes de ADN vegetal en núcleos de sedimentos. En Nueva Zelanda recuperaron ADN de la extinta moa gigante en sedimentos de cuevas. [2] Eske decía que, si pudieran extraerse habitualmente señales genéticas de plantas y animales de los sedimentos en yacimientos arqueológicos como este, las repercusiones serían de gran calado. Uno podría, por ejemplo,

tomar testigos sedimentarios en un yacimiento y asociar sucesivos niveles de ocupación con diferentes grupos humanos, basándose en su ADN. No haría falta extraer destructivas muestras de huesos humanos y se podrían evitar los problemas de la contaminación humana moderna en las muestras óseas de humanos antiguos.

Por entonces aquello sonaba más a ciencia ficción que a ciencia, pero los comentarios de Eske se revelarían proféticos.

Otros investigadores estaban también explorando sedimentos de cuevas para ver si podía conservarse evidencia de ADN humano en yacimientos arqueológicos. Una cueva seca de Arizona con algunos restos orgánicos en asombrosos grados de conservación parecía el lugar ideal donde ensayar el método. Para decepción general, las conclusiones no fueron muy alentadoras. [3] Solo pudieron extraerse secuencias muy cortas de ADN, que resultaron estar altamente contaminadas. La datación del sedimento y del ADN que contenía también fue muy complicada por el posible desplazamiento de ambos en los yacimientos arqueológicos.

En Oxford, otro trabajo con ADN sedimentario confirmó mi pesimista opinión general. Si bien el ADN del permafrost siberiano parecía producir resultados fiables, los trabajos en un par de yacimientos de Nueva Zelanda demostraron que, en estratos preeuropeos, se hallaba presente ADN de oveja. [4] Esto indicaba que el ADN se había filtrado a través de los sedimentos hasta los estratos preeuropeos, cuando lógicamente las ovejas no estaban todavía presentes en las islas.

El pronóstico de ADN en el tipo de cuevas y sedimentos donde habían vivido humanos parecía flotar entre «casi imposible» y «probablemente nunca». Pero, en el mundo de la genética, lo imposible propende a tornarse posible. Durante la década pasada, el análisis de ADN sedimentario, y la recuperación de ADN humano, ha empezado a convertirse en una realidad.

Matthias Meyer, investigador del Instituto Max Planck en Leipzig, comenzó a experimentar con la extracción de ADN en los sedimentos de yacimientos arqueológicos en el 2014. ¿Podría ser extraíble el ADN de los neandertales y de humanos muertos mucho tiempo atrás? Gracias a los avances en los métodos para excluir la contaminación por humanos modernos y los progresos en el aislamiento de ADN demostrablemente antiguo, había llegado el momento de revisar el ADN sedimentario.

En el 2015 me encontraba con Svante Pääbo y Viviane Slon en Tautavel, cerca de Perpiñán, en el sur de Francia, visitando al decano de la arqueología del Paleolítico en Francia, el profesor Henry de Lumley, y a su esposa Marie-Antoinette, en un intento de acceder a su colección de restos fósiles humanos para su datación y estudio genético. Era un objetivo complicado, porque el matrimonio se mostraba —comprensiblemente— reacio a la idea de que perforáramos su preciada colección de fósiles. Tan solo la organización del encuentro había requerido un esfuerzo considerable. Por suerte, uno de mis científicos de posdoctorado, Thibaut De-

vièse, había trabajado en el yacimiento de Henry de Caune de l'Arago en Tautavel, y nos ayudó a concertar la cita. Nos reunimos con Svante y Viviane en el aeropuerto de Toulouse y viajamos en coche hasta la costa mediterránea.

La colección de restos humanos de los de Lumley se conserva en una cámara acorazada en el centro de su instituto en la hermosa campiña francesa, en cajas metálicas cerradas con candados que pocos tienen el privilegio de ver. Con guantes blancos, como los prestidigitadores, sacan sus preciados fósiles, cada uno en su caja, y revelan sus contenidos a los visitantes, describiendo cómo los encontraron y señalando características interesantes. Es, literalmente, la ciencia como un arte escénico.

Durante los más de cincuenta años que lleva el matrimonio excavando en la región ha encontrado casi 150 huesos humanos de 30 individuos, pero su descubrimiento más notable fue Arago XXI, la cara casi completa de lo que está generalmente considerado un *Homo erectus* de hace 460 000 años. El orgullo que sienten Henry y Marie-Antoinette por haber encontrado estos restos humanos no puede ser más lógico. Cada fósil es un hito en el diario de sus vidas y les trae un aluvión de recuerdos de personas, fechas e incluso horas del día. Cuanto más se fija uno en el amor que reflejan sus ojos, más se comprende lo difícil que será el momento de perforar para extraer una pequeña cantidad de material del diente de este o del hueso del oído de aquel para obtener ADN antiguo o efectuar una datación.

Hasta ahora se han resistido a cualquier intento de tomar muestras de Arago XXI, y en respuesta a nuestra solicitud, Henry sugirió que, antes de trabajar con el material humano, a lo mejor queríamos probar a recuperar ADN de algunos de los huesos animales menos valiosos del yacimiento. Convinimos en no tocar el material humano en esta ocasión y centrarnos exclusivamente en los huesos animales. Sin embargo, cuando Svante preguntó si podíamos tomar muestras del sedimento del suelo de la Caune de l'Arago, para ver si podía recuperarse ADN, se mostraron mucho más complacientes. Después de todo, la tierra no es más que tierra, ¿verdad? Y así fue como, más avanzado el día, Viviane y Svante pudieron tomar varias muestras pequeñas del sedimento de la cueva y llevarlas a su laboratorio para analizarlas junto con los restos fósiles de animales.

Yo era escéptico con respecto a la conservación de ADN en el yacimiento; el ambiente era demasiado caluroso y seco, y el yacimiento demasiado antiguo; pero, por supuesto, valía la pena intentarlo. Por desgracia, resultó que yo tenía razón: no se pudo recuperar ADN de los sedimentos.

Quizá la suerte nos sonreiría en alguno de los otros seis yacimientos que se estaban explorando, Denísova entre ellos.

Llegados a este punto tal vez debería explicar cómo puede conservarse el ADN en cuevas y otros yacimientos. En gran medida tiene que ver con cómo el ADN se liga químicamente con los minerales del sedimento, en particular con arcillas

y limos. La temperatura también desempeña un papel, de la misma manera que hemos visto en la conservación de huesos. Por qué algunos sedimentos conservan ADN y otros no es, actualmente, objeto de investigación. Para determinar si puede filtrarse ADN hasta el subsuelo es necesario estudiar cada yacimiento arqueológico y comprobar si puede identificarse ADN de especies con pocas probabilidades de estar presentes, o si sedimentos que son «estériles» —es decir, sin objetos arqueológicos— contienen ADN. Es también fundamental asegurarse de que esas capas estériles sean muestreadas en igual medida que los niveles con restos arqueológicos, para comprobar así la integridad del sedimento y el movimiento del ADN. Si las capas estériles no tienen ADN, vamos bien; si tienen ADN filtrado desde más arriba, está claro que vamos mal.

Aunque Arago no había proporcionado ningún ADN, se supo que, en otros yacimientos de Eurasia con sedimentos del Pleistoceno donde se habían tomado muestras, la situación era muy distinta. Los avances que traía la NGS, o Secuenciación de Siguiente Generación, entre ellos la identificación de ADN dañado y, por tanto, antiguo, permitían la recuperación de ADN antiguo del sedimento. Corrió el rumor de que el equipo de Leipzig estaba obteniendo ADN genuinamente antiguo en yacimientos arqueológicos del Paleolítico.

En los trabajos iniciales de muestreo, habían obtenido sedimento de yacimientos de 14 000 a 550 000 años de antigüedad. De las 85 muestras que habían analizado, 61 contenían ADN de antigüedad demostrable que podía alinearse con se-

cuencias genéticas ya existentes de distintos animales. Se habían identificado 12 tipos de mamíferos en las muestras sedimentarias, entre ellos hienas, caballos, mamuts, bóvidos, lobos y otras especies. La identificación concordaba con los animales que los arqueólogos habían identificado previamente en los yacimientos. [5]

Por increíble que parezca, nueve de las muestras contenían ADN humano de antigüedad demostrable. En ocho de esas nueve, el ADN extraído coincidía con parte del genoma neandertal en aproximadamente el 95 por ciento de los casos. Por primera vez se había encontrado ADN sedimentario de humanos extintos, y no en un yacimiento, sino en cuatro.

En el yacimiento belga de Trou Al'Wesse, el equipo de Leipzig encontró ADN en un yacimiento donde nunca habían aparecido fósiles humanos. En el yacimiento español de El Sidrón solo encontraron ADN neandertal en un yacimiento donde únicamente hay restos óseos neandertales, pertenecientes, como quizá se recuerde del capítulo 2, a los aproximadamente 13 humanos que murieron y cuyos restos quedaron depositados en una cámara inferior sin huesos animales asociados.

La novena muestra de sedimento con ADN humano antiguo reveló algo diferente. En el 84 por ciento de las secuencias extraídas se apreció coincidencia con el genoma denisovano. La muestra procedía del estrato 15 de la cámara este de la cueva de Denísova. Otro primer caso.

Se demostró, con certeza casi total, que los fragmentos de ADN de la muestra de la cueva de Denísova que contenían

ADN neandertal procedían de una sola persona. Una de las submuestras proporcionó una enorme cantidad de ADN, probablemente por la presencia de una pequeña astilla sin identificar de hueso neandertal en el sedimento.

¿Cómo se compara la cantidad de ADNmt hominino de los fragmentos óseos con la que se encuentra en el sedimento? De los huesos del yacimiento se extrajeron entre 28 y 9142 fragmentos de ADN por miligramo, mientras que en el sedimento fueron entre 34 y 4490 fragmentos de ADNmt de mamíferos. [6] Sorprende, por tanto, que cantidades tan grandes de ADN hayan sobrevivido intactas dentro de los sedimentos de la cueva. Esto plantea la posibilidad de que podamos detectar la presencia de humanos en yacimientos donde nunca se han encontrado restos esqueléticos.

Da la impresión de que ahora ni siquiera necesitamos huesos para practicar la arqueología; en algunos casos bastará con los sedimentos. Es increíble, pero cierto afirmar que, aunque nunca hubiéramos encontrado restos físicos de denisovanos, ni huesos ni dientes, aun así sabríamos de su existencia solo por el trabajo con el ADN de los sedimentos. Es una extraordinaria proeza científica.

Alentado por los trabajos con el ADN sedimentario y por las observaciones del equipo de Leipzig sobre el ADN humano, quise comprobar si existía ADN recuperable en algunos de los misteriosos yacimientos siberianos del Paleolítico Superior Inicial. Quería averiguar si podíamos asociar aquí esta industria con los primeros humanos modernos, como ocurre

en Eurasia occidental, o con denisovanos y neandertales. Había centrado mi atención en varios yacimientos clave de la región del Transbaikal.

En el verano del 2018 viajé hasta Ulan-Ude, la capital de la República de Buriatia, unos 100 km al sureste del lago Baikal y centro del budismo ruso. Ulan-Ude permaneció cerrada para los extranjeros hasta 1991, y su pequeño aeropuerto no se compadece con las más de 400 000 personas que viven en la ciudad, cuya principal atracción es una cabeza de Lenin de 38 t y 7,7 m de altura, supuestamente la más grande de Rusia.

Nuestro avión aterrizó a las 4.00, y cuando llegué a mi hotel me dijeron que estaba lleno y que, en cualquier caso, mi reserva se había hecho (por error) para la noche siguiente. Por suerte, el lujoso hotel Baikal Plaza quedaba a la vuelta de la esquina. Lo primero que vi en el vestíbulo fue una fotografía de Vladímir Putin, que se aloja aquí cuando visita la ciudad y ha dado nombre a un plato de pescado en el restaurante del hotel. Al contemplar por la ventana la cabeza de Lenin comprendí que me encontraba en el mejor sitio de Ulan-Ude.

A la mañana siguiente me dirigí al sureste con unos colegas en un par de todoterrenos. La primera parada fue el yacimiento de Varvarina Gora, donde arqueólogos rusos habían descubierto previamente restos del Paleolítico Superior Inicial. Estuvimos trabajando para tomar muestras sedimentarias en una de las zanjas dejadas con anterioridad hasta que la oscuridad interrumpió nuestra labor. Aquella noche nos

quedamos en un pueblo cercano llamado Novaya Bryan. Está dominado por una gran fábrica de repuestos para camiones, en desuso desde que la glásnost y la perestroika destruyeron la economía local; ahora se utiliza de vez en cuando como plató para películas rusas distópicas.

Cerca de Novaya Bryan hay otro yacimiento, llamado Kamenka, donde se habían encontrado evidencias del Paleolítico Inicial Temprano entre las que figuraban ornamentos y un supuesto silbato de hueso, junto con una fosa repleta de restos óseos animales. Se creyó que podría ser algún tipo de depósito de provisiones, por si venían tiempos difíciles hace 45 000 años, cuando vivían aquí antepasados humanos. Pasamos un día largo y caluroso excavando y tomando muestras de sedimentos en dos de las capas del yacimiento.

Después nuestro convoy continuó viaje más al noreste, atravesando campos con colinas ondulantes y pastizales esteparios hasta el yacimiento de Khotyk. En un par de ocasiones nuestro viaje se interrumpió en un paso a nivel del ferrocarril Transiberiano. Khotyk se asienta al abrigo de un cerro con vistas al ancho valle del río Ona. A principios de la década de 1990 se excavó una secuencia de tres niveles del Paleolítico Superior, la más inferior de las cuales, datada hace unos 41 000 años, contenía un fragmento de una flauta hecha con un hueso de cisne. Por increíble que parezca, nuestros antepasados humanos, muy probablemente *Homo sapiens*, hacían música en aquellos tiempos remotos. En Alemania se han encontrado ocho flautas similares en mejor estado de conservación, fabricadas con marfil de mamut y huesos de cisne y buitre leonado, en estratos del Auriñacien-

se. [7] Una de ellas, una flauta de hueso de buitre procedente del yacimiento de Hohle Fels, en el sur de Alemania, mide 22 cm de largo y conserva cinco agujeros para los dedos y dos muescas en V, probablemente para soplar; [8] apareció rota en pedazos y fue laboriosamente reconstruida durante dos años a partir de una docena de fragmentos de hueso. Los arqueólogos que las excavaron creen que las flautas, y probablemente los instrumentos de percusión, formaban parte importante de la vida cotidiana, puesto que aparecieron junto con evidencias de actividades diarias y no se guardaban en ningún lugar especial. La casa Hohner reconstruyó una de las flautas, y emiten notas similares a las flautas dulces modernas. En cierta ocasión asistí a un congreso en Alemania donde tocaron uno de estos instrumentos, hecho con un hueso de cisne, y producía un sonido cautivador. Nuestros antepasados no eran brutos que vivían en cuevas; hacían arte y música, igual que nosotros. Su inspiración era el mundo natural, el mundo en el que vivían y sobrevivían. Es imaginable suponer que objetos como estos pudieron también haber cumplido la función de mantener vínculos y redes más extensas con otros grupos, reuniendo a las personas de vez en cuando para hacer vida social, celebrar algún acontecimiento o marcar el paso del tiempo, contribuyendo así a enriquecer su mundo.

La flauta de Khotyk es un fragmento pequeño, de unos 4-5 cm de largo, pero indudablemente el mismo tipo de instrumento que sus equivalentes alemanes por el oeste. En el 2017 tuve ocasión de examinarla y tomar una pequeña muestra para su datación; produce una sensación maravillosa tener

en las manos parte de una flauta que, hace 40 000 años, una persona hizo sonar bajo los anchos cielos de la inmensa estepa rusa.

En la base del yacimiento de Khotyk había una capa oscura de unos 5 cm de espesor con evidencia de elementos arqueológicos del Paleolítico Medio. Con sumo cuidado tomamos muestras del sedimento a lo largo de una línea de 1 m que abarcaba toda la capa. Imaginé que podríamos encontrar evidencia de ADN humano de denisovanos o quizá incluso de neandertales. En cualquiera de los dos casos sería un hallazgo increíble que, de confirmarse, ampliaría hasta muy al este el rango de distribución conocido de ambos grupos. Solo cabía esperar que el estado de conservación fuera bueno. A la caída de la tarde conté las muestras reunidas: 132 bolsitas de plástico con sedimentos de tres yacimientos clave.

Dos días después regresamos a Denísova y nos reunimos con Viviane y Svante, a quienes dimos las muestras para su transporte hasta Alemania. Pese a que no soy supersticioso, besé la bolsa con las muestras antes de entregarlas, confiando en la suerte. Habíamos trabajado con denuedo para conseguirlas.

Nueve meses después, en abril del 2019, llegaron los resultados. Utilizando un pequeño conjunto de muestras de cada yacimiento, el equipo de Leipzig se había centrado en el ADNmt mamífero para ver si conservaba ADN antiguo. En aquellos casos en que las muestras daban positivo, pasaban a buscar específicamente ADNmt hominino.

En Varvarina Gora habían examinado inicialmente 8 muestras de las 29 obtenidas buscando fragmentos de ADN-mt mamífero; por desgracia, todas dieron negativo.

En Kamenka se estudió un conjunto inicial de ocho muestras del yacimiento y dos dieron positivo en conservación de ADN antiguo, pero en ambos casos la señal era débil, con unas pocas secuencias de ADN de caballo y rinoceronte. Del total de 42 muestras del yacimiento analizadas después, no se encontraron señales de ADN hominino en ninguna. Fue una decepción, porque el sedimento sí parecía conservar ADN antiguo.

Más alentadoras fueron las noticias que llegaron de Khotyk. De las 14 muestras analizadas inicialmente, 12 dieron positivo en ADN antiguo de mamífero; se identificaron especies como caballo, rinoceronte y vaca, entre otras, aunque en unos cuantos casos la señal era débil.

Después llegó la noticia que estábamos esperando: había huellas detectables de ADN hominino antiguo, pero solo en 2 de las 47 muestras adicionales de Khotyk que se habían analizado. Ambas muestras procedían del nivel 3, correspondiente al horizonte del Paleolítico Superior Inicial.

La primera muestra suministró datos insuficientes para establecer un grupo de origen hominino. La segunda muestra, sin embargo, contenía ADNmt que parecía del tipo humano moderno. Viviane, que había dirigido el trabajo de laboratorio, nos advirtió que se trataba de una asignación provisional basada en unos pocos fragmentos de ADN; pero, aun así, era una noticia sumamente alentadora. Nuestro pri-

mer viaje a Siberia para tomar muestras había proporcionado ADN humano de origen sedimentario; esto era estimulante, no solo porque hubiéramos identificado ADN, sino porque los yacimientos donde habíamos buscado eran a cielo abierto, no cuevas, y, por consiguiente, la conservación no debía de ser tan buena.

La probabilidad de que fuera ADNmt humano moderno era algo asombroso, pero la alegría de la noticia se vio menoscabada por no haberse encontrado ADN recuperable en el nivel 4, el Paleolítico Medio. No habíamos podido demostrar la presencia de un neandertal o un denisovano durante este período. Para eso habría que esperar; quizá se identificaría en otro yacimiento o lo haría otro equipo.

Entretanto, mientras trabajábamos en el Transbaikal se había analizado más ADN sedimentario de la cueva de Denísova. [9] De las 728 muestras analizadas, nada menos que el 22 por ciento contenía ADN hominino. Entre estas muestras, se apreciaron señales más fuertes de ADN humano moderno en los sedimentos que contenían evidencia arqueológica del Paleolítico Superior Inicial.

Poco a poco, gracias a la evidencia del «ADN de la tierra», empieza a dar la impresión de que los artífices de esta industria en esta región de Siberia eran humanos modernos, igual que en el Ksar Akil del Líbano y en la Grotte Mandrin en Francia. No obstante, como reconozco que esto es una conclusión preliminar y que se requiere más trabajo, me veo obligado a moderar mi entusiasmo. También debemos recordar, como señalé más atrás, que asociar una sola industria lí-

tica a un tipo de hominino es complicado, sobre todo cuando además está surgiendo tanta evidencia de cruzamiento. Entra en lo posible, por ejemplo, que en algunos yacimientos fuera obra de un grupo mayormente híbrido, o que denisovanos o neandertales hubieran fabricado tipos similares de útiles líticos en otros. Así y todo, esto es solo el principio. Con más esfuerzo y un poco de suerte confío en que pronto podamos resolver algunos de estos problemas arqueológicos que durante mucho tiempo han parecido tan insolubles y fuera de nuestro alcance.

Esta ciencia es tan nueva que, mientras escribo estas líneas, el artículo antes mencionado es el único que se ha publicado con datos fidedignos. Desde entonces, el equipo de Leipzig ha trabajado en más de cien yacimientos arqueológicos y analizado casi mil muestras de sedimentos en busca de ADN, incluida la propia cueva de Denísova. Aproximadamente una muestra de cada diez ha proporcionado ADN antiguo. El laboratorio ha construido sistemas automatizados que permiten trabajar con más rapidez que nunca. Ahora los robots se ocupan de procesar un inmenso número de muestras en las fases más rutinarias de la preparación. El ADN sedimentario ofrece la posibilidad de desentrañar muchos enigmas de nuestro pasado, y de acercarnos más a la verdad sobre lo que sucedió en el Paleolítico Medio y Superior cuando los humanos modernos se encontraron con los denisovanos y todos los otros personajes de la Tierra Media prehistórica.

¿Quién sabe qué otros homininos, todavía por identificar, estarán aguardando en la tierra?

Capítulo 11

Los «hobbits»

En el 2004 se descubrió un nuevo hominino. Técnicamente se encontró «en la tierra», pero no en el ADN vestigial que conservaba el sedimento. De este hominino aparecieron restos físicos en una cueva de la isla de Flores, en Indonesia. Como ocurrió después con los denisovanos, el descubrimiento suscitó enorme interés en todo el mundo y proporcionó a los antropólogos los primeros indicios de que la familia humana encerraba mucha más complejidad de la que creíamos.

Henry Gee es editor de la prestigiosa revista científica *Nature*, y recibe constantemente artículos nuevos para revisar.[1] Cuando se le pregunta qué trabajo, de los más de 15 000 que ha recibido en sus treinta y tantos años en la revista, fue el que más impresión le produjo, su respuesta es inmediata: «El de los *hobbits*». Sin asomo de duda. El día en que aparecieron en *Nature* los dos artículos sobre los *hobbits* de Flores, 28 de octubre del 2004, fue una fecha memorable: un día en que la familia humana se hizo más grande, aunque en el caso de los *hobbits*, quizá deberíamos decir «un poquito» más grande.

En efecto, aquel día nos acercamos más a la confirmación de que la Tierra era más rica en diversidad humana de lo que hasta entonces se creía. Todavía se están descubriendo nuevos grupos humanos, el más reciente en enero del 2019, y ahora sabemos que existieron al menos cinco grupos de humanos viviendo más o menos por el mismo período, hace 40 000-120 000 años, y probablemente durante varias decenas de miles de años antes. El descubrimiento del 2004 propició un interés creciente y constante por las islas del sureste asiático.

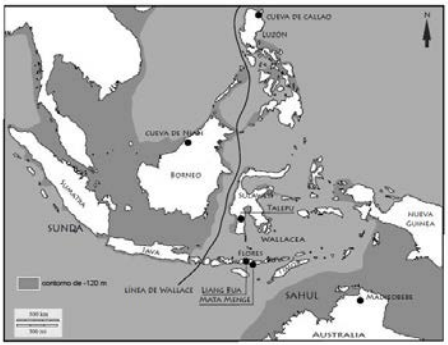


Figura 31. Yacimientos mencionados en este capítulo con sus localizaciones geográficas. Hace ~30 000-80 000 años, los niveles del mar fluctuaban entre 50 y 120 m por debajo de los actuales. En este mapa se muestra el contorno de -120 m para dar idea del tamaño máximo de la masa terrestre adicional de Sonda y Sahul. La línea de Wallace es la modificadapor T. H. Huxley.

El archipiélago malayo era un lugar muy diferente hace 10 000 años. Muchas de las islas que ahora nos resultan tan familiares no existían. Durante la Edad de Hielo, enormes extensiones de tierra ahora sumergida quedaron a la vista por el inmenso volumen de agua almacenada en hielo cerca de los polos. Los niveles del mar fluctuaban entre 30 y 120 m por debajo de los actuales. [2] El nivel era tan bajo que Austra-

lia se convirtió en parte de un continente mucho mayor llamado Sahul, que comprendía Australia, Nueva Guinea y toda la tierra que las separaba y circundaba. Más o menos por la época del poblamiento humano de Australia, supuestamente hace 50 000-60 000 años, el nivel del mar era 60-75 m inferior al actual. Se podía ir caminando de Nueva Guinea a Tasmania. Aunque Sahul nunca estuvo conectado con la Eurasia continental, en el archipiélago malayo existía otra inmensa masa de tierra emergida llamada Sonda. Esta comprendía las tierras hoy sumergidas que conectaban la isla de Borneo con la Malasia peninsular y las islas de Sumatra y Java. Los grupos de homininos en dispersión habrían podido moverse libremente también a través de Sonda; pero para llegar a Australia nuestros antepasados humanos habrían tenido que «saltar de isla en isla» por extensiones de aguas abiertas de hasta 100 km de anchura. Fue en el período Holoceno (los últimos 10 000 años de la Tierra) cuando empezaron los niveles del mar a subir y estabilizarse. El nivel actual solo se alcanzó en los últimos miles de años.

Entre Sonda y Sahul se extendía la región de «Wallacea», así llamada en honor del biólogo evolucionista del siglo XIX Alfred Russel Wallace, que había concebido independientemente de Darwin su propia teoría de la selección natural. Habiendo observado diferencias entre la fauna endémica del continente asiático del oeste, dominada por mamíferos placentarios, y la papú y australiana del este, dominada por marsupiales, trazó entre las dos una línea que indicaba la frontera biogeográfica, conocida hoy como «la línea de Wallace». [3] Solo un número muy reducido de mamíferos terres-

tres llegaron a cruzar la línea de Wallace en la prehistoria: humanos, roedores y proboscídeos (*Stegodon* o elefantes enanos). [4 - 5] Una pregunta capital en paleoantropología es qué tipo de humanos cruzaron y cuándo.

Mike Morwood es el arqueólogo a quien corresponde el mérito de haber hecho realidad la historia de los *hobbits*. Su labor arqueológica inicial la desarrolló principalmente en el norte de Australia, explorando las vías por donde podrían haber llegado los primeros humanos a ese continente. Atraído por la cuestión de dónde y cuándo se había iniciado aquella dispersión desde Sonda hacia Sahul, decidió trabajar en Indonesia, y se le ocurrió que la isla de Flores ofrecía posibilidades interesantes.

Flores tiene resonancias de *Peter Pan* y su naturaleza parece salida de un relato de ciencia ficción. Elefantes enanos *(Stegodon)*, lagartos gigantes (dragones de Komodo, hoy solo existentes en la isla que les da nombre), tortugas y cigüeñas gigantes, cocodrilos, ranas, murciélagos y monos han vivido en Flores en uno u otro momento. Igual que en la película *La princesa prometida*, también la poblaron roedores de dimensiones insólitas, del tamaño de un perro pequeño. Allí siguen las *betu*, como se las nombra en la lengua mangarái. Sabemos que en la isla han habitado varias especies de estas ratas durante cientos de miles de años. El aislamiento de Flores, provocado por el aumento y la disminución de los niveles del mar, ejerció curiosas presiones evolutivas en la fauna endémica; es frecuente observar casos de gigantismo y enanismo cuando la selección natural actúa sin frenos y concibe soluciones nuevas para los rompecabezas de la vida. En 1964

el zoólogo J. Bristol Foster esbozó la teoría de la denominada «autonomía insular», que a su juicio explicaba la influencia de la vida insular en el fenotipo. [6] Para ello se basó en observaciones previas sobre islas que demostraban que algunos animales se van empequeñeciendo con el paso del tiempo, sobre todo los muy grandes, mientras que algunos animales ancestrales más pequeños aumentan mucho su tamaño. Flores constituye un ejemplo clásico de esta variabilidad de forma y tamaño.

He trabajado con mamíferos enanos de la isla de Wrangel en Siberia y tomado muestras de los hipopótamos enanos de las islas griegas del Mediterráneo y de muchas aves terrestres gigantes de Nueva Zelanda y Madagascar, pero la fauna de Flores no se parece a ninguna otra.

¿Pudieron los humanos aislados en islas verse sometidos también a presiones evolutivas de este tipo?

Morwood decidió centrarse inicialmente en un yacimiento, ya excavado por arqueólogos neerlandeses, llamado Mata Menge. Allí se habían encontrado artefactos fabricados por humanos hace más de 500 000 años, principalmente útiles líticos hechos con roca volcánica de la zona. [7] Esta antigüedad indicaba que el *Homo erectus* había estado probablemente en Flores. Tan fascinante descubrimiento implicaba que este grupo debió de haber tenido algún tipo de habilidad para trasponer barreras marítimas, puesto que, según las reconstrucciones de los niveles del mar, Flores nunca estuvo a menos de 60 km de tierra firme.

A principios de la década del 2000 el equipo se trasladó a otro yacimiento llamado Liang Bua (Cueva Fría). Esta cueva, muy grande e iluminada por el sol en el centro de Flores, a 500 m sobre el nivel del mar, contiene una secuencia muy profunda de estratos arqueológicos de más de 10 m y quizá, pensaba Morwood, de hasta 17 m. Este parecía el lugar indicado para buscar evidencia de la llegada de los primeros humanos modernos a Flores y, por la posibilidad de encontrar sedimentos muy antiguos hacia el fondo de la cueva, vincularla a la historia de Mata Menge.

Liang Bua era un lugar muy atractivo para los humanos de la prehistoria, con agua en sus cercanías y piedra de gran calidad para la fabricación de herramientas. Su espacioso interior se había usado como escuela a finales de la década de 1940, poco antes de que el padre Theodorus Verhoeven, arqueólogo aficionado neerlandés, empezara a excavar.[8] El yacimiento había sido ampliamente excavado con anterioridad por arqueólogos indonesios, sobre todo por Raden Panji Soejono, que trabajó en la cueva desde 1978 hasta 1989. En el 2001 empezaron las excavaciones de Morwood, en colaboración con colegas indonesios dirigidos por Thomas Sutikna y un equipo de investigadores locales e internacionales, además de Soejono.

En el 2003, cerca ya del final de otra productiva campaña de excavaciones, Morwood y el grupo australiano tenían previsto regresar a Australia, dejando el trabajo durante una semana exclusivamente en manos de los indonesios. Pocos días después, excavando a una profundidad de casi 6 m en el sector VII, una cuadrícula de 2 × 2 m en una capa del Pleisto-

ceno, la paleta de un miembro del equipo, Benjamin Tarus, chocó con algo en el sedimento arcilloso.

La paleta de Benjamin había atravesado parte del arco superciliar izquierdo de un cráneo humano pequeño, a juzgar por su tamaño, probablemente de un niño de unos cinco o seis años. [9] A una gran profundidad, en una capa del Pleistoceno, cerca de útiles líticos y huesos de *Stegodon*, había encontrado restos humanos.

Morwood había quedado en que llamaría a Thomas Sutikna todas las noches para que lo tuvieran al tanto de los trabajos en el yacimiento, pero no se esperaba el resultado de la llamada del 10 de agosto del 2003. Morwood dijo que, por el tono de su voz, parecía que Thomas llevaba un siglo sentado ante el teléfono, esperando a que sonara para soltarle la noticia. Morwood no cabía en sí de gozo; su apuesta había rendido fruto.

Pero los excavadores se tropezaron con un gran problema: el material óseo era blando, con una consistencia similar al papel maché. Iba a ser difícil extraer los restos humanos sin distorsionar o modificar su forma; se tardaría días en sacar los huesos después de que hubieran quedado expuestos antes de su extracción. De la forma que fuera, tenían que acelerar esta operación protegiendo al tiempo el valioso material que iba a quedar expuesto en la excavación. Después de pensarlo un poco y hacer algunas pruebas, y dentro de las limitaciones de recursos en aquella remota isla, decidieron que una mezcla de acetona pura, quitaesmalte de uñas y pegamento UHU sería el mejor método para preservar los hallaz-

gos. Y en efecto: conservando los huesos a medida que se excavaban, y sacándolos en bloques, exhumaron sin problemas el valioso cargamento humano. Una vez convertida la habitación del hotel en laboratorio improvisado y adquiridas casi todas las existencias de quitaesmalte de uñas en Flores, el laborioso trabajo de conservación continuó sin parar, noche tras noche, durante dos semanas.

Llegado el momento se comprobó que no solo habían descubierto un cráneo, sino también los huesos de la pierna derecha del mismo esqueleto, conectada en posición anatómica con la tibia y el peroné, parte de la columna vertebral, huesos del hombro y el cuello, y dedos de manos y pies, así como costillas. [10] Solo faltaban los huesos del brazo. El esqueleto recibió el nombre de «LB1» (Liang Bua 1), y resultaría ser uno de los esqueletos humanos más importantes jamás encontrados en paleoantropología.

Era pequeño, de no más de un metro. Cuando el equipo empezó por fin el proceso de limpieza de algunos de los hallazgos, se llevó una sorpresa colosal. El examen de la mandíbula reveló que le habían salido todos los dientes y que presentaban desgaste. Pese al tamaño muy reducido del humano y la suposición inicial de que se trataba de un niño, estos rasgos dentales solo podían significar una cosa: el esqueleto que habían encontrado era, en realidad, de un adulto. Un adulto de extraordinaria pequeñez. [11]

A su debido tiempo, los restos humanos fueron cuidadosamente transportados a Yakarta. Morwood se organizó para regresar de inmediato a Indonesia, y que su colega Peter

Brown, antropólogo físico, viniera también para examinar los hallazgos e identificar lo que tenían entre manos.

Unos seis segundos tardó Brown en ver que el pequeño cráneo y los huesos poscraneales laboriosamente excavados y conservados pertenecían a una especie humana completamente nueva. No era un humano moderno, de eso no cabía duda. Sin embargo, en un principio se guardó sus opiniones, porque se estaban formando nubarrones en el horizonte. Raden Soejono estaba decidido a que los restos físicos pasaran a manos del profesor Teuku Jacob, decano de la antropología física indonesia, y no al propio Brown. Jacob era el mejor amigo de Soejono, y a él se le habían entregado todos los restos encontrados en la fase inicial de la excavación, que procedían principalmente del Neolítico. Ninguna de las conclusiones de Jacob sobre este material se había publicado formalmente, y a muchos investigadores les había resultado imposible no ya estudiar, sino tan siquiera ver aquellos restos mientras permanecieron controlados por Jacob. Morwood estaba decidido a impedir que algo así volviera a suceder; no debía permitirse que los preciados fósiles desaparecieran almacenados en la institución de Jacob.

Vinieron después unas tensas negociaciones. Por último, tras muchos dimes y diretes, se decidió que Brown analizara el material con el propósito de preparar publicaciones tanto sobre el material humano como sobre la excavación del yacimiento.

Durante una semana Brown y Sutikna limpiaron cuidadosamente el cráneo y los huesos poscraneales, con Morwood rondando por allí y prestando su nervioso apoyo. Brown extrajo sedimento del interior de LB1 para medir la capacidad craneal. Se introdujeron semillas de mostaza a través del agujero en la base del cráneo, el llamado *foramen magnum*, [12] para determinar su volumen craneal (las semillas las habían pasado de contrabando por la aduana del aeropuerto). Era pequeño: 380 cm^3 (en comparación, el tamaño medio de los humanos modernos son 1400 cm^3). Brown repitió la medición tres veces; el resultado fue siempre el mismo: el tamaño del cerebro venía a coincidir con el de homininos que vivieron hace 2-3 millones de años. Para Brown, esto solo significaba una cosa: LB1 *no* podía pertenecer a la familia humana *Homo;* era demasiado pequeño. Esperaba un volumen del orden de 600 cm^3, que lo acercaría al tamaño que otros paleoantropólogos consideraban mínimo para un miembro del linaje *Homo*. Puesto que el espécimen era de tamaño inferior, a Brown le pareció que no podía ser humano, así que propuso para la nueva especie el nombre *Sundanthropus tegakensis* (hombre mono erecto de la zona de Sonda). [13]

A Morwood no le convencía lo de *tegakensis* porque, según argumentó, solo los malayos e indonesios de la zona identificarían ese nombre, y propuso *floresianus* en honor de Flores. Menos mal que uno de los evaluadores del artículo posterior señaló que *floresianus* significa «ano florido», [14] así que al final se cambió por *floresiensis*. De suma importancia,

sin embargo, era el nombre del género: ¿debía ser *Sundanthropus*, o quizá *Homo*?

Durante la revisión posterior de los trabajos, los evaluadores sugirieron que, por sus rasgos antropofísicos, el espécimen encajaba mejor en la familia humana y, por consiguiente, debería ser *Homo*. Morwood convino en que parecía más un humano pequeño que un antepasado primitivo de los primeros humanos. Aunque por el tamaño de su cerebro se acercaba más a australopitecos como el espécimen Lucy *(A. afarensis)*, con 3,18 millones de años de antigüedad, su endocasto indicaba un conjunto de rasgos similares al *Homo erectus*, con lóbulos frontales agrandados, pero a menor escala. Por último, se decidió que, si Richard Leakey y su equipo pudieron llamar *Homo* al *Homo habilis* en Kenia, no había razón para no clasificar a LB1 en el mismo género. Tal como veremos, este argumento parece justificado, a tenor del trabajo posterior.

Los miembros del equipo acordaron que sería útil dar un sobrenombre a estos nuevos humanos, y hoy es del dominio público que los denominaron *«hobbits»*. Y, aunque en un principio Brown se mostró escéptico con el nombre, al final se impuso al rebufo de la publicidad generada por los artículos.

La prensa de todo el mundo se hizo eco de la historia; fue algo tremendo. Recuerdo bien la imagen icónica del *hobbit* que se publicó por entonces: un varón cazador con una lanza y una rata grande colgada sobre el hombro. [15] Unos meses después de la publicación de los trabajos, el Museo de Histo-

ria Natural de la Universidad de Oxford obtuvo un vaciado del cráneo LB1. Un día fui a visitarlo y sostuve en las manos aquella pequeña reproducción, maravillado por el tamaño de este recentísimo miembro de la familia humana: ¡un metro de estatura! Era, sin duda, uno de los hallazgos más sensacionales en el campo de la evolución humana en más de un siglo.

No todo el mundo estaba de acuerdo. A raíz de la difusión que dio la prensa a las publicaciones sobre los nuevos hallazgos, Teuku Jacob y otros investigadores de Australia, entre ellos Maciej Henneberg y Alan Thorne, habían llegado a conclusiones muy diferentes sobre el *hobbit*. Afirmaban que no se trataba de un nuevo hominino, sino que su estatura y pequeñez se debían a una afección patológica: LB1 era un humano moderno microcefálico. [16] Alan Thorne dijo con desdén: «En mi campo hay mucha gente incapaz de reconocer al bobo del pueblo cuando lo ve». [17]

Sus interpretaciones fueron enérgicamente rebatidas en aquel momento, y con más vigor aún después de que apareciera nueva evidencia en el 2005, cuando se encontraron más restos humanos en Liang Bua. [18] Otra mandíbula confirmó la morfología de la primera: pequeña y sin barbilla. Una extremidad superior proporcionó información fundamental sobre las ratios relativas extremidad-longitud que permitieron a los investigadores comprender mejor la forma y las proporciones del cuerpo. Hasta entonces se daba por sentado que parecían humanas, si bien pequeñas. En realidad, se insinuaba una anatomía poscraneal mucho más primitiva. Por lo visto, los *hobbits* tenían piernas cortas y pies grandes; ade-

más, la muñeca era muy diferente y más simiesca que en otros miembros del género *Homo*. [19] Parecía inverosímil que todos estos restos pudieran proceder de un grupo de individuos con enfermedades idénticas; era mucho más probable que estuviéramos en presencia de un grupo hominino completamente nuevo.

Otro revés notable para quienes proponían una explicación patológica de los *hobbits* llegó con la publicación de nuevos trabajos de datación. Uno de los aspectos más sorprendentes del informe inicial sobre el descubrimiento del *Homo floresiensis* había sido la relativa juventud que se atribuía a los restos humanos. Las dataciones por radiocarbono obtenidas a las mismas profundidades que los huesos de los *hobbits* arrojaron una antigüedad de 18 000 años, lo que apuntalaba la idea de que esta debía de haber sido la fecha más reciente de su supervivencia. De aquí se deducía, a su vez, que tuvieron que coincidir con los primeros humanos modernos, que posiblemente se hallaban presentes en la región hace 45 000-50 000 años, o incluso antes, lo que hacía más probable, en opinión de Jacob, Henneberg y otros, que los *hobbits* no fueran un grupo diferenciado y nuevo, sino sencillamente humanos modernos enfermos.

En el 2016, sin embargo, los cálculos iniciales de la antigüedad se demostraron completamente erróneos. [20] Utilizando nuevos métodos basados en la luminiscencia, los investigadores concluyeron que la antigüedad real de los restos esqueléticos y de los depósitos donde aparecieron oscilaba entre 60 000 y 100 000 años, mientras que los útiles líticos del yacimiento se remontaban a hace 50 000-190 000 años. El

problema con las dataciones iniciales residía en la presencia de un «pedestal» de depósitos sedimentarios residuales que contenían los restos de los *hobbits*, situado cerca de los depósitos inclinados que contenían sedimentos mucho más jóvenes, a partir de los cuales se obtuvieron las dataciones del trabajo original. Normalmente damos por supuesta la horizontalidad de los estratos arqueológicos, pero los yacimientos cavernarios como Liang Bua pueden ser más complicados, y con frecuencia se produce un desplazamiento sedimentario por la acción del agua u otros agentes. En el caso de Liang Bua, las nuevas excavaciones practicadas entre el 2007 y el 2014 revelaron una complejidad mucho mayor en la secuencia sedimentaria y confirmaron que los *hobbits* se hallaban en el yacimiento bastante antes de que llegaran los humanos modernos. Esto indicaba que los útiles líticos del yacimiento fueron, sin duda, obra de *hobbits*, no del *Homo sapiens*.

¿Cómo, entonces, surgieron los *hobbits*, y cuál es su posición en el árbol genealógico humano? ¿Y por qué son tan pequeños en comparación con nosotros y con otros homininos?

Los paleoantropólogos han intentado establecer la ascendencia del *Homo floresiensis* mediante el análisis comparativo del cráneo, los dientes y la forma poscraneal con otros homininos. Algunos aspectos de la morfología craneal de LB1 recuerdan al *Homo erectus;* por ejemplo, la bóveda craneal es ancha en relación con su estatura, como en los erecti-

nos. El análisis minucioso de los dientes indica que, aunque posee una arcada jamás vista antes en los humanos, el *Homo floresiensis* compartía varias características dentales con los *Homo* del Pleistoceno Temprano, pero ninguna con los *Homo habilis* o australopitecos, bastante anteriores. [21] Esto comportaba que los *hobbits* procedían, con más probabilidad, de una población anterior de *Homo erectus* que muy posiblemente empequeñeció, una vez aislada en Flores. Pero si esto efectivamente sucedió, ¿cómo fue y cuándo?

En el 2014, en el yacimiento de Mata Menge, se obtuvieron nuevas e importantísimas dataciones que atribuían una antigüedad considerable a estos humanos de Flores y arrojaban más luz sobre su evolución. El equipo de excavadores encontró seis dientes y un fragmento de mandíbula muy similares en forma y tamaño a los restos del *Homo floresiensis* de Liang Bua; son, quizá, incluso más pequeños, aunque es forzoso considerar la posibilidad de que sean un mero reflejo de la variación intrapoblacional de tamaño, así que debemos interpretar el dato en su justa medida. [22] La antigüedad de estos fósiles quedó establecida en unos 700 000 años. Además, los trabajos en el yacimiento cercano de Wolo Sege indicaron que los homininos habían llegado a Flores hacía un millón de años. [23] El análisis de los útiles líticos procedentes de estos yacimientos indica una tecnología similar, característica de estos yacimientos tempranos y de los útiles posteriores de Liang Bua estrechamente asociados al *Homo floresiensis*. Si los antepasados de los *hobbits* hubieran llegado a Flores por la época de esta primera evidencia arqueológica de un millón de años, se deduciría que la reducción de tamaño se

produjo en algún momento de los 300 000 años transcurridos entre la ocupación de Wolo Sege y la época de los restos homininos de Mata Menge.

Parece haber dos posibilidades para estos antepasados de los *hobbits*. La primera es que llegaron a Flores ya menguados de tamaño. La segunda, basada en la autonomía insular antes mencionada, que llegaron grandes y se empequeñecieron con el paso del tiempo. Por lo que respecta a la primera hipótesis, al ser los dientes de los *hobbits* más similares al *Homo erectus* que a homininos anteriores y mucho más pequeños como los *Homo habilis* y los australopitecos, es importante señalar también que estos dos últimos homininos son anteriores a los *hobbits* en ~1,6-2 millones de años o más, y que hasta ahora solo se les ha identificado en África. El *Homo erectus*, por otro lado, se halla mucho más extendido y se le ha identificado en Asia oriental China e Indonesia, así como en África. Este hominino era claramente expansivo y salió de África después de hace alrededor de 1,6 millones de años. A la sola luz de esta evidencia parece lo más prudente concluir que fue el *Homo erectus* el antepasado de los *hobbits*, sin descartar por completo la posibilidad de que un pequeño pre-*Homo erectus* hubiera salido de África antes de hace unos dos millones de años y dado origen a los *hobbits* de Flores.

Pero ¿cabe siquiera plantear esta hipótesis? El problema radica en que la reducción del tamaño corporal de los mamíferos por enanismo insular suele asociarse a una reducción más moderada, en términos comparativos, del cerebro. El enanismo insular no da como resultado una reducción equi-

valente de tamaño en todas las partes del cuerpo; hay factores de escala que influyen en la reducción del tamaño cerebral. Como nunca hemos comprobado el enanismo insular en humanos, dependemos de la comparación con otras especies animales. Está claro que, si los *hobbits* proceden del *Homo erectus*, es difícil explicar el grado de reducción del tamaño craneal. El tamaño craneal del *Homo erectus* fluctúa entre ~700 y ~1200 cm^3, mientras que, en los *hobbits*, como hemos visto, se sitúa en 380 cm^3. La reducción de tamaño exigida para que el enanismo insular explique esta mengua es mucho mayor de la que se ha visto en otros animales. Es muy difícil obtener un cerebro de dimensiones como el de los *hobbits* aplicando los factores de escala ya conocidos en otros mamíferos empequeñecidos en islas.

En el 2013, sin embargo, un nuevo estudio del cráneo LB1 con microtomografía computarizada demostró que la capacidad craneal de los *hobbits* era aún mayor de lo que se pensaba. En vez de 380 cm^3, era en realidad de 426 cm^3; la medición se había visto afectada por la presencia de pequeñas bolsas de sedimentos no detectados previamente. [24] Esto modifica algo el cálculo matemático, pero no en grado suficiente. Si consideramos un promedio de 860 cm^3 para el *Homo erectus*, por ejemplo, y la escala de la cavidad craneal con respecto al tamaño del cuerpo entre uno y otro, el *Homo floresiensis* acabaría teniendo un cerebro de entre 522 y 585 cm^3: demasiado grande todavía para los *hobbits*.

Otra investigación ha indicado que la mecánica del enanismo insular podría ser más compleja. Los estudios con hipopótamos malgaches demuestran que sus cerebros reduci-

dos son más del 30 por ciento menores de lo que deberían ser comparados con su antepasado continental, incluso después de tener en cuenta la escala alométrica. Las presiones selectivas sobre el tamaño cerebral, que son independientes de las que operan sobre el tamaño del cuerpo, pueden también haber influido en la merma de las capacidades craneales que vemos en los *hobbits*. Los cerebros son caros y puede ocurrir que, en un medio de escasa disponibilidad calórica, resulte adaptativamente ventajoso tener un cerebro más pequeño.

Una interpretación estricta de los modelos de reducción del tamaño cerebral en condiciones de enanismo insular demuestra, por tanto, la mayor probabilidad de que el antepasado sea un hominino mucho más pequeño, como el *Homo habilis*. Además, las comparaciones estadísticas a mayor escala de los rasgos antropofísicos de los *hobbits* y otros homininos indican que el *Homo floresiensis* guarda un parentesco más estrecho con el *Homo habilis*.[25] El problema reside en que carecemos de evidencia de este grupo fuera de África y, por tanto, si eso fuera verdad, significaría que se produjo un desplazamiento hasta ahora desconocido de un hominino pre-*Homo erectus* desde África hacia el Viejo Mundo. Habida cuenta de los giros y vaivenes que ya hemos visto en nuestra historia de la familia humana, a mí no me sorprendería demasiado.

Una explicación alternativa podría ser que los *Homo erectus* anteriores del sureste asiático fueran más pequeños de lo que habíamos pensado, o que aquí está operando un efecto fundacional, como en aquellos casos donde se establece una

población nueva a partir de un subgrupo poblacional pequeño y poco común. [26] Los investigadores continúan trabajando y discutiendo en este campo. Los genetistas del Max Planck de Leipzig, por ejemplo, han buscado ADN en los *hobbits* y sedimentos de Liang Bua que podría decirnos más sobre sus orígenes ancestrales. Pero hasta ahora no han tenido éxito; el ADN no se conserva bien en el húmedo medio tropical.

Por desgracia, Mike Morwood no podrá continuar la búsqueda de nuestros orígenes en esta región tan fascinante. Enfermó de cáncer y murió en Darwin, mientras regresaba a Indonesia, en el 2013, menos de una década después de su investigación pionera para descubrir al *hobbit*. [27] Está enterrado en Wollongong, su último destino como profesor, en una soleada ladera de la costa que mira al este sobre la inmensidad del Pacífico.

En el 2007, en una cueva de la isla filipina de Luzón, se produjo otro giro en la historia de la humanidad. El arqueólogo filipino Armand Mijares y su equipo estaban excavando un yacimiento llamado cueva de Callao. En vista del descubrimiento de los *hobbits*, Mijares había regresado a la cueva para reanudar las excavaciones, por debajo de sedimentos de 26 000 años ya excavados, en busca de evidencia más antigua. [28] A casi tres metros bajo el suelo de la cueva el equipo encontró los restos de un tercer metatarso humano, uno de los huesos del pie. La datación de huesos cercanos al lugar del hallazgo indicó una antigüedad aproximada de 67 000 años. [29] De la comparación inicial con otros homininos se de-

dujo que el hueso tenía sus parientes más cercanos en el género *Homo*, concretamente en sus versiones de cuerpo más reducido, como el *Homo habilis*. ¿Podría ser esta la prueba definitiva que acreditara un vínculo con este hominino muy anterior?

Nuevas excavaciones practicadas en el 2007, 2011 y 2015 revelaron más restos humanos: dos huesos de la mano, siete dientes y un eje femoral (el hueso del muslo), pertenecientes como mínimo a tres personas, dos adultos y un niño. [30] Al igual que había ocurrido antes con el *Homo floresiensis*, los restos presentaban una mezcla confusa de rasgos, algunos antiquísimos y otros que recordaban al *Homo sapiens*. Los molares eran muy pequeños, con ecos de *Homo sapiens* en las formas de sus cúspides. El hueso del pie era casi idéntico en su espacio tridimensional a los de homininos de hace 2-3,7 millones de años como el *Australopithecus afarensis* y el *A. africanus*. [31] Las ratios relativas de tamaño de los dientes se parecen sobre todo al *Homo erectus*. Los huesos de pies y manos presentan una curvatura que suele verse en homininos acostumbrados a trepar. Igual que con los *hobbits*, es sumamente difícil encontrar vínculos con otros posibles humanos ancestrales. La extraordinaria novedad que representaban estos restos humanos avalaba una nueva designación como especie: *Homo luzonensis*. [32] En el archipiélago malayo había aparecido otra nueva especie humana.

Como en Flores, también existe evidencia de un hominino muy anterior en la isla de Luzón. En el 2018 los investigadores anunciaron el descubrimiento de un rinoceronte despiezado junto con útiles líticos de más de 700 000 años de anti-

güedad. [33] Luzón nunca estuvo conectada por un puente terrestre con el continente asiático. ¿Cómo llegaron estos homininos a la isla? Es difícil saberlo con certeza, pero algunos investigadores sugieren una travesía a la deriva o accidental, quizá en una balsa natural después de un tsunami. La opinión mayoritaria es que la tecnología marítima es una invención muy posterior, asociada solo a los humanos modernos. [34] Existen fuertes corrientes que viajan de norte a sur pasando por Wallacea; por tanto, si efectivamente se produjo una travesía de deriva, es más probable que esos navegantes vinieran del norte que del oeste. De ser así, no podemos excluir Taiwán ni la costa de China como origen de estos pioneros. [35] Me pregunto, sin embargo, si podríamos estar subestimando una vez más las habilidades de los antiguos homininos; quizá se alcanzó un mayor grado de pensamiento deliberativo y pericia técnica en el Pleistoceno antes de lo que creíamos.

Estos fabulosos descubrimientos en el archipiélago malayo han proporcionado nueva evidencia de que la Tierra fue un lugar primigeniamente complejo hace 50 000-100 000 millones de años, una Tierra Media donde la familia humana comprendía una multitud de tipos y tamaños diferentes, que vivían en ecosistemas diversos. Esta variedad obedecía al aislamiento de las poblaciones, que las situaba en una senda evolutiva divergente. Las islas del archipiélago malayo ofrecen un terreno fértil para que la evolución experimente sin frenos. Habida cuenta de la cantidad de islas en la región, cabe esperar que todavía queden por descubrir otros miembros

de la familia humana. Mi apuesta por el próximo hallazgo de calado es la isla de Célebes. Las excavaciones de un equipo australiano en un yacimiento llamado Talepu entre el 2007 y el 2012 sacaron a la luz útiles líticos de hace unos 120 000-194 000 años asociados a huesos de animales extintos como el *Stegodon*.[36] ¿Podría esto ser la firma material dejada por otro nuevo hominino, o quizá estar relacionado con la presencia de denisovanos u *Homo erectus*? Solo nuevas excavaciones y el descubrimiento de restos homininos fósiles podrán confirmarlo, y para eso tendremos que esperar.

Capítulo 12

El viaje al este de la línea de Wallace

El genoma de la muchacha Denísova 3 reveló que los habitantes de Nueva Guinea y Bougainville, en las islas Salomón, compartían parte de su ascendencia con los denisovanos. [1] Cómo era posible que unas gentes que vivían tan lejos de la cueva de Denísova tuvieran ADN denisovano en sus genomas ha seguido envuelto en un cierto misterio. Algunos investigadores han sugerido que la razón podría ser que los denisovanos vivían al este de la línea de Wallace. [2] En este capítulo me propongo investigar este enigma, seguir la ruta de los primeros humanos modernos en su llegada y dispersión por Wallacea y la miríada de islas de la región, y dilucidar si nuestros antepasados pudieron o no haberse encontrado con denisovanos en esta región clave.

Primero quiero aclarar lo que podemos deducir de la evidencia genética, tanto de los genomas de Denísova 3 como de los humanos modernos. David Reich invoca una sugestiva analogía para explicar cómo la genética de las poblaciones modernas puede arrojar luz sobre la dispersión de humanos modernos y su interacción y mezcla con otras poblaciones. Dado que la señal genética arcaica es divergente del ADN

humano moderno, puede, incluso en proporciones pequeñas, ayudarnos a identificar restos de flujo genético, de manera similar a como la solución de contraste nos ayuda a seguir el movimiento de los productos químicos por las arterias.

En el 2011 el equipo de Reich en Harvard obtuvo datos genéticos de 33 poblaciones adicionales de Asia y Oceanía para someterlos a análisis, entre ellas aborígenes australianos, polinesios, fiyianos, gentes de Indonesia y Asia oriental, y tres de los llamados grupos de «negritos»: los mamanuas de Filipinas, los jehais de Malasia y los onges de las islas Andamán. [3] Los «negritos» son por lo común de pequeña estatura, complexión grácil y pigmentación oscura; su apariencia física ha servido de base para sugerir que quizá representen a una población relicta procedente de una diáspora temprana desde África. ¿Podrían contarse entre los descendientes de los primeros humanos modernos que emprendieron camino hacia el este en dirección a Australia?

Figura 32. Yacimientos mencionados en este capítulo con sus localizaciones geográficas. Repárese en el contorno del bajo nivel del mar a −120 m.

Reich comparó 353 143 SNP —las secciones variables de la secuencia del genoma humano— de zonas de los genomas

donde había alta cobertura entre las personas modernas y el genoma denisovano. La primera conclusión fue que los grupos papúes y australianos tienen casi la misma proporción exacta de ADN denisovano. Esto indica que el flujo genético denisovano hacia estas poblaciones se produjo probablemente antes de que se dispersaran hasta Sahul, el continente formado por Australia y Nueva Guinea, hoy parcialmente bajo las aguas, pero en otros tiempos emergido. También apoya la idea de que ambas descienden en buena medida de una población ancestral común.

La ascendencia denisovana guarda una estrecha correlación con la ascendencia de la Oceanía Cercana. [4] Los fiyianos, por ejemplo, tienen el 56 por ciento del ADN denisovano de un neoguineano y el 58 por ciento de ascendencia de la Oceanía Cercana. Los isleños de Niue tienen el 27 por ciento de ADN denisovano y el 30 por ciento de ascendencia de la Oceanía Cercana.

Hubo dos excepciones: los mamanuas y los manobos de las Filipinas. Reich ensayó varios modelos para intentar explicarlo. La causa más probable era que, después del flujo genético denisovano hacia los antepasados de australianos, neoguineanos y mamanuas, se produjo una mezcla posterior entre los mamanuas y los humanos modernos de Eurasia oriental, por lo que se redujo su componente genético denisovano.

Esto indicaba que hubo dos movimientos poblacionales de humanos modernos hacia el sureste asiático. El primero, los antepasados de los modernos neoguineanos, australianos y

mamanuas, que se cruzaron con denisovanos. El segundo, los antepasados de los modernos indonesios y asiáticos orientales. Este grupo no parece haberse mezclado con denisovanos y con toda probabilidad procede de una dispersión mucho más reciente.

Las poblaciones que hoy presentan mezcla denisovana están en el este, y concentradas en el archipiélago malayo, lo que me sugiere que es más probable que el cruzamiento o cruzamientos ocurrieran aquí. [5] De ser esto verdad, implicaría que los denisovanos se extendieron por una amplia variedad de zonas ecológicas y ambientales en la prehistoria, desde las regiones frías y templadas de Siberia hasta las islas tropicales de Asia y, como vimos en el capítulo 6 con el espécimen de Xiahe, incluso hasta la meseta tibetana. Si los denisovanos se hubieran extendido hasta regiones tan distantes, entonces debieron ser capaces de adaptarse a medios muy diferentes y poseer una considerable capacidad tecnológica y adaptativa para la supervivencia, algo que hasta entonces se consideraba privativo de los humanos (usamos el término «especialista generalista» para describir a los humanos modernos en el capítulo 1). Quizá, una vez más, estamos subestimando notablemente las habilidades de nuestros primos arcaicos.

Después se descubrió que la ascendencia denisovana estaba incluso más extendida por Asia oriental de lo que hasta entonces se creía, pero a bajos niveles. [6] Se encontró ascendencia denisovana residual en América (<0,2 por ciento), en grupos nativos de América del Norte y del Sur, y entre poblaciones euroasiáticas orientales.

En aquel momento parecía haber dos explicaciones probables para eso. La primera, que el cruce se produjo en un grupo de humanos modernos antepasados de todas estas poblaciones y que, posteriormente, los de América y Asia oriental se cruzaron con otros humanos modernos, de lo que resultó una proporción más baja o diluida de ADN denisovano; esto podría significar que el cruce con denisovanos se produjo en algún lugar de Asia oriental. La segunda, que el cruce con los denisovanos ocurrió en la población ancestral de los neoguineanos, australianos y melanesios, y que el ADN denisovano residual de los euroasiáticos orientales provino de un movimiento poblacional posterior. [7]

El trabajo con ADN antiguo podría resolver la cuestión: si llegaran a encontrarse niveles altos de ADN denisovano en huesos fósiles de Asia oriental, la primera posibilidad se vería reforzada. Una oportunidad de demostrarlo la proporcionó el análisis de ADN de un hueso humano antiguo de un yacimiento chino de hace unos 40 000 años. El hueso procedía de un conjunto de restos esqueléticos excavados en un yacimiento llamado Tianyuandong (*dong* significa «cueva» en chino, así que la traducción sería «cueva de Tianyuan»), cerca de Pekín y 6 km al suroeste del famoso conjunto de yacimientos de Zhoukoudian.

Tianyuan fue descubierto en el 2001 por unos agricultores y excavado después por un equipo del Instituto de Paleontología de Vertebrados y Paleoantropología de Pekín, que encontró 34 restos esqueléticos de lo que se interpretó como un humano moderno temprano. La datación radiocarbónica indicó una edad de 39 000-42 000 años. [8] Los antropólogos físi-

cos que analizaron los huesos apreciaron ciertos rasgos bastante arcaicos en algunos de los elementos esqueléticos entre los rasgos previsible derivados de humanos modernos. ¿Podría eso servir como evidencia de cruzamiento? Solo el ADN podría confirmar esta corazonada.

Los huesos de los pies de Tianyuan también eran interesantes. Los investigadores compararon la robustez de los huesos pedales, sobre todo los del tercer dedo, de humanos del Paleolítico Medio con dataciones de más de 40 000 años con los de humanos modernos de hace 30 000-40 000 años y con humanos recientes.[9] El hueso tiene plasticidad y responde a desgastes y tensiones. Partimos de la idea de que, cuando los humanos empezaron a calzarse, el tamaño de algunos huesos de nuestros pies se redujo. La gente que acostumbra a ir descalza tiene mayor espacio entre el dedo gordo y los demás dedos; pero cuando uno se calza, los huesos de los pies suelen volverse más delgados y pequeños, mientras que los músculos de las piernas apenas experimentan cambios. El análisis demostró que el hueso del tercer dedo de Tianyuan era delgado y delicado, por lo que parece altamente probable que esta persona llevara calzado.[10] Tianyuan es la evidencia más antigua con que contamos para este tipo de comportamiento, que a nuestro juicio se vuelve cada vez más común a partir de 25 000-40 000 años atrás. La evidencia tangible de calzado, sin embargo, es sumamente rara en el registro arqueológico.[11]

Los investigadores del Instituto Max Planck de Leipzig intentaron extraer ADN nuclear de Tianyuan, pero se toparon con un problema inicial. El ADN estaba muy mal conserva-

do: solo el 0,03 por ciento era endógeno u original del hueso. Sortearon esta dificultad utilizando un ingenioso método nuevo llamado «captura con cebo» para enriquecer o incrementar el ADN recuperable y extraer una cantidad suficiente para el análisis. Esta técnica permite a los científicos construir grandes matrices de secuencias de ADN que esperan que coincida con las secuencias de ADN que pretenden extraer de muestras antiguas. Es posible, recurriendo a casas comerciales, diseñar estas sondas para localizar las secuencias de ADN correctas, pero sale caro. El equipo se centró en capturar ADN coincidente con la secuencia del cromosoma humano 21 utilizando las secuencias publicadas del genoma humano de referencia; [12] emplearon 973 304 sondas para intentar «pescar» ADN de las muestras de Tianyuan y pudieron mapear unos 30 millones de bases de la sección no repetitiva del genoma: una proeza científica ciertamente increíble.

Los resultados revelaron que Tianyuan tenía cantidades de ADN neandertal similares a las de personas modernas que viven en Asia continental (alrededor del 1,7 por ciento); pero, por la resolución de la metodología aplicada, no fue posible determinar cuánto ADN denisovano había. Como veremos, métodos posteriores permitieron afinar la resolución.

En marzo del 2017, un equipo de la Universidad de Washington en Seattle aportó evidencias nuevas y fascinantes sobre estas cuestiones de los denisovanos y sobre determinados aspectos de mezclas antiguas en Eurasia oriental, el ar-

chipiélago malayo y Melanesia. Se investigaron las partes arcaicas de secuencias de ADN humano moderno usando un nuevo y potente método estadístico conocido como «estadística S*». [13] Esto permite efectuar el análisis con mayor rapidez. [14] Se exploraron datos genómicos no africanos de las grandes bases de datos del Proyecto 1000 Genomas [15] y de 5600 personas vivas de 19 poblaciones de Asia, Europa y América.

Cuando los investigadores revisaron los resultados, observaron dos componentes claramente diferenciados de ADN denisovano en algunas de las poblaciones modernas estudiadas. El primer componente, la denominada parte de «alta afinidad», consistía en ADN estrechamente emparentado con el genoma de Denísova 3; este ADN lo encontraron en los genomas de personas vivas de Japón y de tres poblaciones de China (Pekín, Dai y Han del Sur). El segundo, la llamada parte de «afinidad moderada», guardaba un parentesco más lejano con Denísova 3; este ADN apareció en papúes, oceánicos y melanesios vivos. Sin embargo, los grupos chinos y japoneses presentaron evidencia de *ambos* tipos: de alta afinidad y de afinidad moderada. Así quedaba confirmado el trabajo mencionado más atrás que demostraba que había una reducida proporción de ADN denisovano probable en poblaciones asiáticas orientales y nativos americanos, pero que en torno al 0,2 por ciento era 25 veces más pequeño que la proporción de este ADN en melanesios. [16]

Así se probaba la existencia de al menos dos grupos de denisovanos distintos y genéticamente divergentes. En lugar de una población homogénea extendida por Eurasia oriental,

debió de haber una estructura más compleja en la población denisovana. Por el contrario, el equipo descubrió que el ADN neandertal de grupos humanos modernos de Europa y Asia parecía proceder de una *única* población y que carecía de la misma complejidad subyacente.

Pero se obtuvo otro resultado fascinante. Fueron identificadas secciones de ADN arcaico que no pudieron alinearse con ningún genoma arcaico encontrado hasta ese momento; consistían aproximadamente en una *cuarta parte* de la señal de ADN arcaico, y no se alineaban con ningún denisovano ni neandertal. La explicación más probable, a mi juicio, es que se trata de ADN neandertal y denisovano que no puede alinearse sencillamente porque, debido al número limitado de genomas de alta cobertura, todavía tenemos que capturar el amplio espectro de variación genética en estos grupos. Una segunda y más curiosa posibilidad es que este ADN desconocido proceda de otro hominino arcaico, todavía no identificado genéticamente, introgresionado también en nuestros genomas humanos ancestrales hace miles de años. Retomaremos esta cuestión en el capítulo 13.

El descubrimiento de que una segunda población de denisovanos, más lejanamente emparentados con Denísova 3, ha aportado ADN a personas de Nueva Guinea y Melanesia, nos invita a fijarnos con mucho más detenimiento en este campo emergente y fundamental de la paleoantropología.

Nueva Guinea es una de las islas con mayor diversidad ecológica de la Tierra, y, con 900 000 km^2, la segunda más

grande del mundo después de Groenlandia. [17] Su orografía es compleja, con un espinazo montañoso que divide la mayor parte de la isla en dos regiones: picos que alcanzan los 4500-5000 m en las mesetas centrales y anchas llanuras aluviales en las tierras bajas y algunos valles centrales. El clima es variable, pero dominado casi siempre por los sistemas tropicales de altas presiones, la presencia de la zona de convergencia intertropical —la región ecuatorial de alisios convergentes llamada a veces «las calmas»— y la influencia oceánica. Las precipitaciones varían desde 7000 a 8000 mm por año en las montañas centrales hasta 1000 mm en la capital de Papúa Nueva Guinea, Puerto Moresby. Por su posición en el Cinturón de Fuego del Pacífico, la actividad volcánica y sísmica es frecuente, lo que indudablemente ha determinado la utilización de la tierra y la distribución geográfica de la población desde la llegada de los primeros humanos.

La vegetación y la orografía también han contribuido a la asombrosa diversidad de los grupos humanos y lenguas de la isla. Se calcula que en Nueva Guinea se hablan más de 850 lenguas, que constituyen nada menos que el 12 por ciento del número total de lenguas conocidas en el mundo. [18] Algunas las hablan miles de habitantes; otras, solo unas cuantas decenas, pero el aislamiento que impone la geografía ha permitido su pervivencia.

¿Se refleja esta diversidad de tribus y lenguas en la diversidad genética de los actuales habitantes de la isla, o están los neoguineanos de nuestros días estrechamente emparentados entre sí? Los estudios genéticos están aquí en pañales, pero los nuevos resultados indican acentuadas distinciones

genéticas entre diferentes grupos humanos. Un estudio reciente examinó muestras de 381 hablantes de 85 grupos de lenguas, principalmente en el occidente de Papúa Nueva Guinea. [19] Los resultados demostraron que las diferencias entre algunos grupos tribales eran mucho mayores que las existentes entre todos los habitantes de la Europa moderna, y particularmente acusadas entre los habitantes de las tierras altas y regiones montañosas de la isla y los de las tierras bajas. Se calcula que la separación genética entre algunos grupos se remonta a hace 10 000-20 000 años, con diferencias relevantes incluso entre grupos geográficamente cercanos, mantenidas por la doble barrera de la lengua y el paisaje.

Por desgracia, verificar si esta complejidad genética se remonta al tiempo prehistórico más lejano va a ser dificultoso por el viejo problema de la conservación en los trópicos. Por tal motivo, los investigadores han centrado sus esfuerzos en ampliar el análisis del ADN de habitantes actuales de la región, como hizo el equipo de la Universidad de Washington.

Un equipo de la Universidad Massey de Nueva Zelanda ha obtenido recientemente ADN de 161 personas de 14 grupos insulares diferentes, desde Sumatra hasta Nueva Bretaña. [20] Esto incluía los primeros genomas completos secuenciados hasta ahora en Indonesia, un dato ilustrativo si se tiene en cuenta que Indonesia es el cuarto país más grande del mundo, con 267 millones de personas y una superficie equivalente a la de Europa continental.

El equipo estaba interesado en profundizar sobre las dos poblaciones denisovanas identificadas con anterioridad, y re-

sultó que encontraron mucho más de lo que esperaban. Filtraron solo las partes denisovanas del ADN arcaico de los neoguineanos modernos (empleando avanzados métodos estadísticos como la estadística S*) y las compararon con el genoma denisovano de Altái. Efectuando un «análisis de disparidad», contaron el número de veces que el ADN denisovano de los papúes no coincidía con la secuencia de Altái, y, contra todo pronóstico, encontraron no uno, sino dos picos de ADN dispar. Esto solo podía significar que los papúes han heredado ADN de dos poblaciones de denisovanos genéticamente diferentes. A estas dos poblaciones las llamaron D1 y D2.

Ahora, recuérdese que en Asia oriental el equipo de la Universidad de Washington descubrió que algunos individuos presentan también dos introgresiones: una es la misma D2 de los papúes, mientras que la otra, D0, es diferente (D0 es la coincidencia más próxima a la denisovana de Altái); parece, por consiguiente, que la población D1 queda restringida exclusivamente a los papúes.

Esta evidencia indica, por tanto, que, en realidad, pueden haber existido tres poblaciones de denisovanos genéticamente diferentes.

Esta nueva situación viene a coincidir con el reanálisis practicado recientemente al humano de Tianyuan de hace 40 000 años al que conocimos más atrás. Aunque, en un principio, no pudo detectarse ADN denisovano en Tianyuan, los avances en los métodos estadísticos demuestran ahora que, en realidad, hay en él una proporción muy pequeña de

ADN denisovano introgresionado, equivalente a menos del 10 por ciento de la cantidad de su ADN neandertal. [21] Este ADN denisovano procede de una población de origen diferente de la encontrada en los papúes y aborígenes australianos, y está más emparentado con la población denisovana de Altái. Así se confirma la evidencia, obtenida por los trabajos con el genoma humano moderno, de que hay poblaciones diferentes de denisovanos en regiones de Eurasia oriental y el sureste asiático, y que estas poblaciones contribuyeron en medida variable, y en más de una ocasión, a los genomas de los humanos modernos. Es probable que el ADN denisovano altamente fragmentado del Hombre de Tianyuan proceda de una introgresión ocurrida mucho antes de que este viviera, aunque con la evidencia actual es difícil precisar con qué antelación. Por último, Tianyuan parece haber procedido de una población que estuvo emparentada con la mayoría de los asiáticos y también los nativos americanos actuales, y es por tanto posterior a la divergencia entre europeos y asiáticos. [22]

Da la impresión de que D1 se escindió de la población D0 de Altái hace unos 300 000 años. [23] El grupo D2 parece haberse separado incluso antes, en un momento más cercano a la fecha calculada para la escisión de neandertales y denisovanos. Esto implica que D2 es, probablemente, un tercer grupo hermano de ambos, y al parecer tan genéticamente distinto de otros grupos denisovanos como de los neandertales.

Una vez más, conviene hacer un alto en este punto porque, sin duda, hemos sacado conclusiones asombrosas en la página anterior: no una, sino tres posibles poblaciones denisovanas, según la evidencia extraída del ADN de personas

vivas. La posibilidad es verdaderamente increíble. Me rasco la cabeza, perplejo: después de todo, solo conocemos la existencia de los denisovanos desde el 2010.

Las claves sobre cuándo se produjeron estas introgresiones de los denisovanos en nosotros pueden extraerse de la evidencia genómica. Conforme nos acercamos en el tiempo a los momentos de la introgresión, más se fortalece la señal de ese ADN introducido y más aumenta el tamaño de esos bloques de ADN. Los cálculos basados en el tamaño de los bloques indican que la introgresión de D2 en los antepasados de los neoguineanos ocurrió hace unos 46 000 años, [24] lo que concuerda con cálculos previos que sugieren que la mezcla con denisovanos precedió a la división poblacional entre papúes y aborígenes australianos. [25] Por otra parte, se calcula que la introgresión de D1 en los papúes se prolongó más tiempo, quizá hasta hace unos 30 000 años. Esto depara una gran sorpresa porque, si el cálculo es fiable, indica que se produjo una mezcla muy tardía en las regiones circundantes de Nueva Guinea, quizá después de que se hubieran separado las diferentes poblaciones humanas modernas de Nueva Guinea.

Comparando el ADN de personas vivas de Nueva Bretaña, una isla situada al este de Papúa Nueva Guinea, con el de los papúes, el equipo de la Universidad Massey demostró que eso es probablemente lo que pasó: se apreciaron diferencias en las proporciones relativas de la población D1 en al menos dos grupos modernos.

El poblamiento de Nueva Bretaña por el *Homo sapiens* ocurrió, según se cree, hace por lo menos 35 000 años, y requirió una travesía por el océano. Había menos ADN de D1 en los bainings que viven en Nueva Bretaña que en los neoguineanos papúes, lo que implica que se produjo una introgresión adicional de D1 en los papúes después de su separación geográfica. La escisión entre los papúes de tierra firme y los bainings aconteció, según se ha calculado, hace 16 000 años, lo que podría muy bien significar que los denisovanos D1 sobrevivieron hasta fecha mucho más reciente de lo que se pensaba. Los negritos de Filipinas a los que conocimos al principio de este capítulo registran también una segunda introgresión denisovana después de su separación de la isla. [26] Esta población D1 vivió con certeza casi total al este de la línea de Wallace en la región neoguineana, porque no se encuentra rastro de su ADN en individuos actuales de Asia oriental.

Los primeros humanos que se dispersaron desde África acabaron llegando hasta Australia, para lo cual nuestros antepasados debieron de atravesar Wallacea y Nueva Guinea o pasar muy cerca; de hecho, según veremos pronto, la ruta neoguineana es la más probable. Como se señaló más atrás, la fecha más temprana para el poblamiento de Australia sirve como antigüedad mínima para una salida de África. Estos primeros humanos se encontraron seguramente con denisovanos, a tenor de la genética y los cálculos cronológicos de introgresión. ¿Qué más podemos averiguar sobre lo que ocurrió cuando los humanos modernos coincidieron con los de-

nisovanos en Sahul? ¿Existe alguna evidencia de los denisovanos aparte de las señales genéticas en personas vivas? ¿Qué nos dicen los estudios arqueológicos de este período acerca de lo que ocurrió y cómo estas personas llegaron a Australia, última estación de su ruta de salida desde África?

Igual que Nueva Guinea, Australia es lingüística y culturalmente compleja. Se cree que, en tiempos del primer contacto con europeos, se hablaban unas 250 lenguas de 28 familias. De estas familias, 25 quedan restringidas al extremo norte, mientras que en las restantes domina una familia llamada pama-ñungana. Estas últimas cubren el 90 por ciento del país y constituyen el mayor grupo lingüístico de cazadores-recolectores del mundo. Parece probable que esta familia dominante date del período Holoceno Medio, hace 6000-5000 años. [27] La distribución de otros grupos de lenguas previos a este no se conoce bien.

La evidencia más temprana de seres humanos en Australia puede datarse hace aproximadamente entre 45 000 y 65 000 años. Esta ancha horquilla cronológica refleja las posturas divergentes de aquellos arqueólogos que prefieren dataciones tempranas obtenidas con métodos ópticos en un número reducido de yacimientos, [28] y aquellos que no. [29]

Los grupos que se desplazaron a Australia desde Sonda tenían dos opciones: una ruta norte a través de Nueva Guinea o una ruta sur hasta Australia noroccidental pasando por Bali y Timor. El diseño de modelos computarizados ha indicado que la ruta norte es la más probable. [30]

Nuestro conocimiento del primer asentamiento de población en Australia se ha visto notablemente influido por una sucesión de descubrimientos arqueológicos de restos humanos en el siglo XX. Uno de los más importantes tuvo lugar en agosto de 1967, cuando Alan Thorne (el antropólogo físico australiano que en el capítulo anterior expresaba dudas sobre los *hobbits*) examinaba restos esqueléticos humanos en el Museo Nacional de Victoria en Melbourne. Al abrir un cajón se encontró con unos huesos de lo que parecía un ser humano de complexión sumamente robusta.[31] La característica costra de carbonato que presentaban algunos huesos le recordó el aspecto de un famoso cráneo de un yacimiento llamado Cohuna, encontrado en 1925 por un agricultor que araba un campo al borde del pantano de Kow, un vasto humedal de Victoria. También aquel cráneo era robusto y peculiar.

Thorne consultó los registros del museo asociados a los restos esqueléticos y descubrió la existencia de un informe policial sobre el hallazgo.[32] Por este informe pudo deducir que los huesos que había encontrado procedían de muy cerca del yacimiento donde había aparecido el cráneo de Cohuna.

Al año siguiente Thorne empezó a excavar en aquel lugar y, asombrosamente, encontró las partes que faltaban del mismo esqueleto parcial, incluida la otra mitad del hueso que había aparecido en el cajón del museo.[33] Las pesquisas arqueológicas posteriores sacaron a la luz otros restos humanos de las márgenes del pantano, y en 1972 ya se habían identificado los restos de unos 40 humanos.

Algunos restos estaban enterrados con ofrendas de valvas de mejillones, dientes de marsupiales y manchas de ocre rojo o hematita (óxido de hierro). Las dataciones indicaron que en el pantano de Kow vivieron personas hace 19 000-22 000 años, cuando las temperaturas globales cayeron a los niveles más bajos de los últimos 100 000 años. [34]

Thorne interpretó que estos restos humanos, y otros similares, presentaban la «marca de la antigua Java» por su robusta morfología craneal. Lo que quería decir era que advertía grandes similitudes entre los individuos del pantano de Kow y los restos de *Homo erectus* de la isla indonesia de Java excavados con anterioridad en el siglo XX. Thorne creía que los humanos modernos habían evolucionado por separado en diferentes partes del mundo, conforme al llamado «modelo multirregional» de los orígenes humanos, que se oponía frontalmente al modelo Salida de África. En Australia, a su juicio, los humanos habían evolucionado en última instancia a partir del *Homo erectus* de Asia oriental. Esta teoría se modificó posteriormente para incluir un modelo según el cual un mayor flujo genético explicaría las similitudes entre los diferentes humanos modernos de distintas regiones del mundo.

En 1969 otras excavaciones proporcionaron nueva y decisiva evidencia sobre los primeros australianos. En los lagos Willandra, un sistema semiárido de lagos y dunas en Nueva Gales del Sur, se descubrieron restos humanos con apariencia más grácil. El primer esqueleto humano encontrado por el arqueólogo Jim Bowler fue WLH1 (Hominino 1 de los lagos Willandra), alias «Lady Mungo», una hembra jo-

ven. [35] Después, en 1974, se encontró a unos 400 m de distancia el esqueleto de un hombre tumbado de costado (WLH3) que había sido enterrado y recubierto con ocre rojo: una de las evidencias más antiguas jamás encontradas para este tipo de prácticas funerarias. La posterior datación del sedimento en las tumbas y sus alrededores arrojó una antigüedad de 41 000 ± 4000 años. [36]

A juicio de Thorne, esto demostraba que Australia fue habitada por dos poblaciones diferentes: una inicial de complexión grácil, quizá humanos modernos, y otro grupo posterior de mayor robustez, más parecido al *Homo erectus*. [37] La teoría era que los aborígenes modernos provienen de la hibridación de estos dos grupos, a la que denominó «hipótesis dihíbrida».

Otros no tan convencidos postulaban que los dos grupos, el grácil y el robusto, entraban dentro del rango de los aborígenes modernos y, en general, de los humanos actuales, y que no existía ningún vínculo biológico fuerte con el *Homo erectus* indonesio. [38] Se argumentó que algunos de los cráneos del pantano de Kow había padecido deformaciones durante la infancia, lo que había acentuado su forma, más redonda. [39] Esta es la opinión dominante entre la mayoría de los especialistas.

No obstante, puesto que ahora conocemos las múltiples poblaciones y cruzamientos de los denisovanos, me pregunto si algunos de los restos humanos de Australia podrían, en realidad, reflejar la evidencia de mezclas antiguas en ese continente. ¿Podría el ADN ayudar a aclarar esta cuestión?

La extracción de ADN endógeno de restos humanos en un clima caluroso como el de Australia es muy complicada. Los trabajos genéticos previos dieron como resultado la extracción de ADNmt de algunos de los restos esqueléticos humanos más relevantes, entre ellos WLH3 y KS8 del pantano de Kow; [40] pero después se comprobó que estas secuencias estaban altamente contaminadas y, por tanto, no eran fiables. [41]

En 1990 los restos humanos del pantano de Kow fueron devueltos, con toda justicia, a la comunidad aborigen de Echuca, [42] y reinhumados en una fosa común cuya localización solo conocen los habitantes de la zona. Lady Mungo regresó con los suyos en 1992. [43] Más tarde, en el 2017, el Hombre de Mungo también fue devuelto a su hogar. Uno de los ancianos de la tribu dijo: «Después de 40 000 años, este hombre salió de la tierra para caminar con nosotros por un tiempo. Y le ha dicho al mundo que somos un pueblo muy antiguo». [44]

La evidencia genética y arqueológica descrita en este capítulo arroja nueva luz sobre cuándo pudieron extenderse los primeros humanos modernos por la inmensidad del continente meridional de Sahul. Creo cada vez más probable que, una vez que los humanos hubieron cruzado la línea de Wallace y entrado en Sahul, se encontraran con los denisovanos. La distribución de ADN denisovano en los pueblos modernos se concentra al este de la línea de Wallace, y la evidencia que explicamos más atrás en este capítulo refuerza la teoría de que probablemente ya vivían denisovanos en la re-

gión de Nueva Guinea e islas circundantes. Estas personas quizá estaban ya bien adaptadas a las condiciones tropicales por su larga estancia en la zona. Una de las ventajas de la vida en los trópicos es el beneficio que reporta una mayor inmunidad a algunas de las enfermedades tropicales endémicas, como veremos en el capítulo 15.

Sabemos que la introgresión de ADN denisovano se había producido hace unos 46 000 años, antes de la división entre aborígenes australianos y papúes. [45] También podemos afirmar, en razón de las longitudes medias de ADN neandertal y denisovano en los papúes australianos, que el tiempo transcurrido desde la mezcla con los neandertales es más largo que el tiempo equivalente de la mezcla con los denisovanos: en torno al 11 por ciento. Esto sustenta la idea de que la introgresión del pulso o pulsos genéticos denisovanos en los humanos modernos ocurrió después del pulso neandertal, [46] algo que no debería sorprender, dada la distribución geográfica de ambos grupos y el orden en que los primeros humanos modernos se habrían encontrado con ellos cuando salieron de África y atravesaron Eurasia.

El desplazamiento hasta Australia desde Sonda habría requerido forzosamente algún tipo de embarcación. Puede que los humanos modernos se adaptaran con bastante rapidez a vivir en contextos marítimos una vez que llegaron a los confines orientales del archipiélago malayo. Se ha descubierto evidencia de pesca muy temprana, antes de hace 40 000 años, en yacimientos arqueológicos de algunas islas de Wallacea. [47] Quizá las personas que vivían en esta región se acostumbraron a pescar, a usar embarcaciones y a llevar una

vida marítima, y estos avances tecnológicos les permitieron expandirse hasta Australia. Tal posibilidad se sustenta en cálculos demográficos y modelos espaciales, que indican que la población fundadora de humanos modernos que llegó a Australia constaba de entre 1300 y 1550 individuos. [48] Esto hace más probable que los grupos llegaran en múltiples travesías: se calcula que quizá más de 130 personas cada vez en un período de 800-900 años. [49]

La evidencia más temprana de asentamientos humanos en Australia se ha encontrado en el abrigo de Madjedbebe, en el norte de Australia, con una datación de hace unos 65 000 años, [50] quizá incluso antes, aunque esto se ha puesto en tela de juicio. [51] Los pobladores del lugar usaban muelas para procesar plantas y semillas como alimento, y disponían de pigmentos, colores minerales y una tecnología lítica avanzada. Esta datación temprana podría implicar que los moradores de Madjedbebe no contribuyeron al ADN de los aborígenes australianos actuales, porque parece que precedieron a la introgresión denisovana. Existen, sin embargo, incertidumbres relevantes tanto en los cálculos del ADN como en las dataciones arqueológicas, lo que significa que pudieron muy bien coincidir. [52] Creo más probable que, tras la dispersión inicial de humanos modernos hasta Sahul, se produjera la mezcla, y que poco después se desplazaran los humanos hasta Australia. De ser así, Madjedbebe proporcionaría la antigüedad mínima de la interacción humana con los denisovanos.

Cabe otra posibilidad, sin embargo, y es que los humanos modernos no fueran los primeros en dispersarse hasta Aus-

tralia. Como ya hemos visto, los *hobbits* y el *Homo luzonensis*, o sus antepasados, cruzaron también la línea de Wallace. Si los denisovanos estuvieron en Nueva Guinea, también la cruzaron, [53] y si estuvieron allí, igualmente estuvieron en Australia, puesto que Sahul fue un único supercontinente, como hemos visto. No podemos identificar todavía la presencia denisovana basándonos en la tecnología lítica, así que tendremos que confiar en que futuras campañas arqueológicas aclaren esta cuestión. En vista de la evidencia de que ya disponemos sobre la extensa distribución geográfica de los denisovanos —desde el Altái siberiano hasta la meseta tibetana y los confines sumergidos de Taiwán y el archipiélago malayo—, ¿cómo podríamos no contemplar al menos la posibilidad de que los denisovanos llegaran también hasta Australia?

Por supuesto, nunca conoceremos los motivos que impulsaron a aquellos primeros colonizadores humanos de Australia, quienesquiera que fueran, a emprender estas travesías por el océano. Es fácil invocar el espíritu de aventura y el deseo de explorar inherentes a los humanos; pero la gente no suele poner en peligro su vida innecesariamente en empresas como esta; prefiere correr un riesgo calculado. Creo que los primeros australianos, tras un reciente proceso de adaptación al medio marino, emprendieron numerosas navegaciones y fundaron una población que dio origen a una de las adaptaciones humanas más largas y exitosas fuera de África, una colonización que al final sufrió una interrupción catastrófica con la llegada de los primeros europeos en el siglo XVII.

Capítulo 13

El «Homo erectus» y la población fantasma

Entre las bambalinas de la historia que llevamos contada hasta ahora se ocultan otros homininos misteriosos. Vimos en el capítulo anterior que una cierta proporción del ADN arcaico de los habitantes actuales del archipiélago malayo y Melanesia tuvo una procedencia desconocida, un hominino todavía no secuenciado genéticamente. Otro misterioso hominino aporta entre el 2,7 y el 5,8 por ciento del genoma de Denísova 3, un hominino que se escindió del resto hace 0,9-1,4 millones de años. [1] Para los genetistas, estos tramos de ADN son los restos de las llamadas «poblaciones fantasma», porque todavía ignoramos a quién pertenecen en el registro fósil.

¿Quiénes pudieron ser estos homininos? Creo que un candidato con muchas posibilidades es el *Homo erectus*, uno de los miembros más peculiares y longevos de nuestra historia humana. En este capítulo me propongo indagar en esta cuestión y ver adónde nos lleva la evidencia.

La historia de los descubrimientos de homininos y las investigaciones arqueológicas es larga en Asia oriental. En la

década de 1800, el influyente zoólogo alemán Ernst Haeckel estaba convencido de que el origen de la humanidad se situaba en esa región. A diferencia de Darwin, Haeckel se inclinaba por el este debido a la presencia de primates similares, como el orangután y el gibón, y, demostrando no poca confianza en sí mismo, llegó incluso a acuñar un nombre para el presunto «eslabón perdido» que, a su juicio, aparecería algún día: *Pithecanthropus alalus* (simio sin habla).

Figura 33. Yacimientos mencionados en este capítulo con sus localizaciones geográficas.

Un médico neerlandés llamado Eugène Dubois se sintió tan influido por Haeckel, y tan estimulado por las nuevas investigaciones sobre el origen del hombre que por entonces se realizaban, que decidió involucrarse del modo que fuera. De joven, Dubois se había quedado fascinado por el mundo natural. Había oído hablar sobre los neandertales porque en julio de 1886 se habían encontrado restos fósiles cerca de donde vivía, en un yacimiento belga llamado Spy. [2] Decidió que tenía que ir hacia el oriente, unirse a la búsqueda de restos fósiles humanos y demostrar la teoría de Haeckel de que en esa región se encontraba un «eslabón perdido».

Entonces se le ocurrió una idea brillante: pedir un destino como militar en las Indias Orientales neerlandesas.

Y así fue como en 1888, a los veintinueve años, arribó a la isla indonesia de Sumatra. En su tiempo libre excavó varios

yacimientos cavernarios, pero los sedimentos y los objetos arqueológicos que contenían eran demasiado recientes. Así y todo, su exitoso descubrimiento de huesos antiguos en la región permitió que fuera relevado de su cargo en el ejército y recompensado con una cuadrilla de obreros para que lo ayudaran en sus investigaciones científicas. Buscando sedimentos más antiguos, se trasladó a la isla de Java y excavó en un pequeño terraplén en un recodo del río Solo, en el centro de la isla.

La suerte le sonrió. Casi al momento, sus obreros empezaron a encontrar fósiles de animales extintos muy antiguos. Un mes después, en septiembre de 1891, apareció un diente; era el molar superior de un primate simiesco. Dubois estaba exultante, pero la identificación del espécimen iba a ser complicada. Lo que necesitaba era una colección comparativa de cráneos de primates modernos y humanos para comprobar si su espécimen era algo completamente nuevo. Escribió cartas a colegas europeos solicitando el envío de al menos un cráneo de chimpancé a las Indias Orientales, pero era un proceso muy lento. No le quedaba más remedio que esperar.

Sin embargo, en octubre encontró algo que eclipsó al diente: la bóveda craneal, de color chocolate, de un primate con un cerebro indudablemente grande. Procedía de la misma zona del yacimiento que el diente, y Dubois supuso que debía de pertenecer al mismo individuo. Reconoció al instante que era diferente de un chimpancé, y también de los restos neandertales descubiertos por entonces, pero, constreñido por la falta de material comparativo, no pudo dar a su hallazgo un nuevo nombre científico.

Al año siguiente su equipo de obreros encontró un fémur derecho excelentemente conservado y muy parecido al de un humano moderno. Dubois dijo: «No puedo dejar de pensar que hay mucho mono en ese cráneo, y mucho hombre en ese fémur. ¿No parece más bien una especie transicional, un eslabón entre los monos y el hombre?». [3]

A finales de 1892 recibió el tan esperado cráneo de chimpancé, junto con los cráneos de un gibón y de humanos modernos, y se lanzó a practicar análisis anatómicos y mediciones comparativas. Al cabo de una semana de trabajo, concluyó que había evidencia suficiente de que tenía entre las manos algo completamente nuevo: una nueva especie humana. Decidió que su espécimen debía llamarse *Pithecanthropus erectus: Pithecanthropus* en honor de Haeckel y *erectus* por su fémur de apariencia humana. El simio que caminaba erguido.

Dubois había obrado un milagro científico.

Actualmente conocemos a esta especie con el nombre *Homo erectus* para reflejar su posición en el género *Homo*. En el archipiélago malayo, el *Homo erectus* aparece en el registro fósil hace 1,3-1,5 millones de años. [4] Su especie debió de haber sido tremendamente exitosa, porque encontramos sus hachas de mano y restos esqueléticos desde hace quizá 100 000 años en Java hasta, remontándonos en el tiempo, hace unos 1,8 millones en África. [5] Curiosamente, pese a estos probables orígenes africanos, la mayoría de los restos fósiles de la especie proceden de Eurasia, lo que plantea la posibilidad de que este hominino tuviera su origen fuera de Áfri-

ca. [6] Como siempre, la datación es fundamental, pero complicada, especialmente en algunos yacimientos.

Uno de los yacimientos clave del *Homo erectus* es Sangiran, en Java. El paleontólogo germano-neerlandés Ralph von Koenigswald lo descubrió a mediados de la década de 1930. En su juventud, la lectura de la historia de Dubois le había servido de inspiración para trabajar en la zona. [7] Durante varios años de la década de 1930 y principios de la de 1940 realizó notables descubrimientos de fósiles en la región, entre ellos varios cráneos de *Homo erectus* similares al espécimen de *Pithecanthropus* encontrado por Dubois. El trabajo en Java terminó cuando la Segunda Guerra Mundial se extendió hasta la zona y Von Koenigswald fue capturado por los japoneses. Pasó treinta y dos meses como prisionero de guerra, y aprendió a leer jeroglíficos para combatir el aburrimiento. [8] Por suerte para la ciencia, su esposa Luitgarde (Lütti) y algunos de sus amigos rescataron sus preciados especímenes fósiles y los pusieron a buen recaudo hasta el final de la guerra. [9] Durante todos los años de la ocupación japonesa, Lütti conservó la famosa mandíbula superior de Sangiran IV (para Von Koenigswald, su descubrimiento más importante) en el bolsillo.

En el yacimiento se han encontrado más de cien restos de homininos, que pueden clasificarse a grandes rasgos en dos grupos: uno temprano y más primitivo con paralelismos con los primeros *Homo erectus* [10] africanos de 1,4-1,7 millones de años de antigüedad (llamado con frecuencia *Homo ergaster*), y otro posterior, datado después de hace 780 000 años, con mayor tamaño craneal. Esta división suele aplicarse a los

restos de este hominino encontrados a lo largo del tiempo en Java; poco a poco su capacidad y morfología craneal cambian, ganando capacidad y perdiendo robustez en su musculatura facial. Los cráneos javaneses presentaban similitudes con otros descubiertos en China. [11] Sangiran 17 es el *Homo erectus* más completo jamás encontrado en Asia. Este fue el espécimen que se comparó con los cráneos ya mencionados del pantano de Kow, en Australia, y del que se afirmó que presentaba una morfología muy similar. [12] Sangiran sigue siendo una localidad arqueológica rica y muy importante hasta el día de hoy. [13]

Estamos, pues, bastante seguros de que el *Homo erectus* salió de África en época muy temprana, pero para mí la pregunta más acuciante es: ¿cuándo desapareció el *Homo erectus*? Sería fascinante averiguarlo, porque si hay una posibilidad de que hubiera sobrevivido hasta muy tarde —hasta los últimos 100 000 años, por ejemplo—, podría haber coincidido o interactuado con nuestros primeros antepasados modernos. Además, una datación tan tardía implicaría que probablemente coincidió también con algunas de las poblaciones denisovanas que pudieron haber estado en el archipiélago malayo. Una vez más, no es difícil imaginar qué experiencia tan curiosa e insólita habría sido para ambos grupos encontrarse con una especie diferente, separada evolutivamente de la propia durante cientos de miles de años hasta reunirse en una isla lejana. Estas salidas de África de grupos sucesivos pertenecientes a nuestro género las imagino como olas rompiendo en una playa. Los bordes más orientales de aquella primera ola rompieron en el archipiélago malayo, un lugar

maravillosamente complejo; después, ¿pudieron las corrientes haber traído una segunda ola de la familia humana hasta el mismo lugar y allí haberse encontrado?

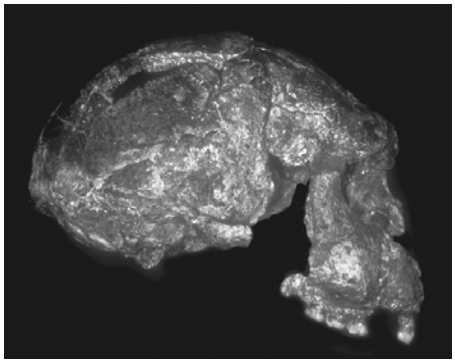


Figura 34. Sangiran 17.

En 1996 parecían haberse obtenido evidencias que corroboraran esa supervivencia tan tardía. Dos geocronólogos estadounidenses, Carl C. Swisher III y Garniss H. Curtis, estaban trabajando en la datación del yacimiento de Ngandong a orillas del río Solo, a 10 km de Trinil, donde Dubois había descubierto el *Pithecanthropus* más de un siglo antes. El yacimiento lo habían excavado los neerlandeses en la década de 1930, que encontraron abundantes restos de humanos *erectus*, entre ellos 12 calvarias (bóvedas craneales). Swisher y Curtis excavaron una cata abierta de 1 m^2 cerca de la zona de excavación neerlandesa, en un intento de encontrar material para una mejor datación de los depósitos. [14] A unos 2 m de profundidad hallaron unos cuantos dientes animales fosilizados. Dando por sentado que pertenecían al mismo nivel que los restos de *Homo erectus*, y tenían, por tanto, la misma antigüedad, aplicaron dos métodos distintos para datar los dientes. [15] Los resultados arrojan una inesperada juventud:

entre 27 000 y 53 300 años. [16] Los autores dijeron en su artículo: «Las nuevas edades plantean la posibilidad de que el *H. erectus* coincidiera en el tiempo con humanos anatómicamente modernos *(H. sapiens)* en el sureste asiático». Recuerdo que las dataciones se publicaron con una mezcla de escepticismo y emoción. ¿Podría ser el *Homo erectus* verdaderamente tan joven?

Algunos de mis colegas no estaban convencidos. Una de las afirmaciones del artículo de Swisher es reveladora leída *a posteriori*. De su pequeña excavación de 1 m^2 dicen que «los 2 m superiores parece corresponder a coluvión, que probablemente incluye parte de los escombros de la cantera de la década de 1930». En otras palabras, cabía la posibilidad de que una parte del material de la cuadrícula no estuviera en su posición inicial, sino que fuera el relleno de los anteriores excavadores neerlandeses. De ser así, significaría que los dientes y, por ende, sus dataciones, probablemente no guardaban ninguna relación con el *Homo erectus* de Ngandong.

La confirmación de lo anterior llegó mucho después, en el 2020[14]. Un equipo internacional reinició las excavaciones en Ngandong entre el 2008 y el 2010 para asignar una edad más fiable a los restos del *Homo erectus*, y descubrió que, como los neerlandeses habían excavado un área muy grande de la superficie total de yacimiento (unos 6300 m^2), parecía altamente probable que la cata abierta de Swisher y Curtis estuviera situada en su relleno. Sus antigüedades tan tardías, por tanto, podían descartarse, vista la posibilidad de que los dientes que habían datado fueran muy jóvenes, amontonados con sedimentos excavados previamente y rellenados des-

pués en los agujeros dejados por los neerlandeses cuando terminaron sus trabajos.

El equipo comprendió que, para datar el yacimiento con exactitud, tendría que averiguar de qué manera se habían depositados los sedimentos y las calvarias que contenían. Y no iba a ser tarea fácil. El río desempeña un papel fundamental en la deposición y erosión de los sedimentos en la región desde hace alrededor de medio millón de años. La propia deposición de los restos humanos de Ngandong se produjo en el transcurso de un solo evento de inundación, desde aguas arriba, quizá como resultado de cambios en las condiciones medioambientales; son, por tanto, lo que llamaríamos «depósitos secundarios», es decir, materiales que se han desplazado desde su posición originaria. Este factor condicionante dificulta la datación. ¿Cómo puede saberse si la secuencia completa de sedimentos y huesos no estaba ya mezclada durante la redeposición?

El equipo analizó concienzudamente los huesos y dientes encontrados en los mismos niveles que los restos de *Homo erectus*, y resultó que presentaban una distintiva ausencia de desgaste. Se identificó algún material óseo frágil, e incluso algunos tejidos blandos que parecían haber sobrevivido contra todo pronóstico. Esto indicaba que un solo evento fue, probablemente, responsable de la deposición de material en Ngandong, y que fue un evento de alta energía y gran poder destructor. (En este contexto, un evento de alta energía sería algo parecido a una poderosa crecida repentina.)

Las dataciones de estos sedimentos obtenidas por luminiscencia apuntaban la probabilidad de que la deposición de los restos humanos y de los huesos animales se hubiera producido más o menos al mismo tiempo. Los resultados en conjunto asignaban al *Homo erectus* de Ngandong una edad de 108 000-117 000 años, [17] no tanta juventud como en los desacreditados resultados de Swisher y Curtis, pero, aun así, reciente. Tales edades implicarían que el *Homo sapiens* y el *Homo erectus* probablemente no coincidieron en el sureste asiático, toda vez que la evidencia más antigua de nuestra especie en aquella región es muy posterior (hace unos 45 000-65 000 años); pero, curiosamente, implicaría que los denisovanos pudieron muy bien haber coincidido e interactuado con el *Homo erectus*.

Las nuevas dataciones nos permiten establecer cómo pudo el *Homo erectus* haber vivido y sobrevivido en este período, y en qué condiciones ambientales.

Hace entre 90 000 y 120 000 años, los niveles del mar en derredor de Java eran hasta 60 m más bajos que en la actualidad. La plataforma de Sonda estaba emergida y se podía cruzar a pie una inmensa extensión de tierra hoy submarina. Los primates como los orangutanes no pueden salvar barreras acuáticas, así que su presencia en Java demuestra sin ningún género de dudas que islas como esta estuvieron en el pasado unidas a la tierra firme del sureste asiático. Después subieron los niveles del mar, el clima se volvió más cálido y lluvioso, y la vegetación de Java cambió como consecuencia de estas alteraciones ambientales. En lugar de dominar el bosque abierto, que es el medio donde parece haber vivido el

Homo erectus, se extendieron las pluvisilvas tropicales. La fauna antigua dio paso a animales que nos resultan más familiares: macacos, gibones, tigres, cerdos, ciervos, elefantes y orangutanes.

Uno de los yacimientos más importantes que documenta los cambios operados en la fauna de Java se llama Punung. En la década de 1930 Von Koenigswald trabajó allí intentando componer una imagen del ecosistema de pluvisilva y de los animales que se hallaban presentes en tiempos del *Homo erectus*. Entre los restos óseos animales de Punung encontró algo inesperado: cinco dientes humanos. [18] En el 2001 los investigadores intentaron encontrar estos dientes en las colecciones de Von Koenigswald procedentes del yacimiento de Punung en Fráncfort; lamentablemente, solo localizaron una pieza, un premolar bastante roído con la etiqueta *«Homo sp.»*.

El análisis del diente demuestra que encaja en la categoría de *Homo sapiens*. Aunque debemos ser prudentes, entra en lo posible que nuestra especie estuviera presente en Java mucho antes de lo que se creía hasta ahora. [19] Como hemos visto en la cueva de Niah (Borneo) y en un yacimiento de Sumatra llamado Lida Ajer, [20] los humanos modernos parecen capaces de adaptarse a medios como la pluvisilva. Quizá *Homo erectus* no estaba tan bien adaptado. Quizá, cuando cambió el clima y subió el nivel del mar, cuando entró en declive el bosque abierto y se extendieron las pluvisilvas, el *Homo erectus*, el más exitoso de los homininos, conoció su fin en los últimos confines de Asia oriental y nuestra especie ocupó el nicho que quedó vacío. Si nuestra especie tuvo o no algo

que ver con la desaparición del *Homo erectus*, al menos fundándonos en esta evidencia, no queda claro por el momento; para que podamos estar seguros se requiere más trabajo y más restos fósiles. Sin embargo, me parece raro que, tras un período tan largo de presencia en la Tierra, el *Homo erectus* desapareciera sin más.

Ngandong no es el único yacimiento de *Homo erectus* tardío en Indonesia; hay otro: Sambungmacan. Como Ngandong y todos los demás yacimientos clave de *Homo erectus*, los atribuidos a Sambungmacan están, una vez más, a orillas del río Solo en Java. (Digo «yacimientos» porque hay varios parajes que han producido restos humanos fósiles en esta localidad arqueológica.) El lugar se descubrió en la década de 1970, y se encontró un cráneo casi completo llamado Sambungmacan 1, o SM1. En 1977 apareció otro cráneo (SM3), [21] que colocaron ilegalmente en el mercado de antigüedades veinte años después y acabó en una tienda de Nueva York llamada Maxilla and Mandible, Ltd., especializada en material fósil. Allí fue identificado como un espécimen indonesio perdido y devuelto posteriormente al país. [22] Al igual que en Ngandong, la datación del material de Sambungmacan ha sido muy discutida, y los diversos métodos aplicados han dado como resultado cálculos de antigüedad muy variados. Sin embargo, un trabajo reciente en el que he participado ha apuntado la posibilidad de una edad joven para Sambungmacan 1 y, por consiguiente, para el *Homo erectus*. [23]

El espécimen Sambungmacan 1 es uno de los contados cráneos de *Homo erectus* de cuyo lugar de procedencia exacto estamos seguros. Lo descubrieron unos obreros que excavaban un nuevo canal en el Solo en 1973. En el 2005 los miembros de nuestro equipo inspeccionaron el lugar del hallazgo y observaron que debajo había dos capas de material orgánico; a la inferior, con unos 2 cm de material orgánico turboso, la datación radiocarbónica le asignó unos 49 000 años. Los trabajos previos para datar directamente el cráneo, utilizando una técnica denominada «espectrometría de rayos gamma», habían arrojado una serie de cálculos de edad coincidentes con esta última datación. El nuevo análisis indica que podemos tener un notable grado de confianza en estas dataciones. La combinación estadística de estas dataciones nos dio para Sambungmacan 1 un resultado de entre 50 000 y 53 000 años. [24] De ser fiable, esto situaría claramente al *Homo erectus* tardío dentro del rango temporal de los primeros *Homo sapiens* en Java y plantearía la posibilidad de coincidencia y cruzamiento.

Sin embargo, para consolidar esta hipótesis necesitamos algo más: la evidencia de una interacción real en forma de evidencia genética que demuestre cruzamiento, o la evidencia de alguna clase de intercambio cultural. Como hemos visto una y otra vez, el análisis del ADN de huesos antiguos en los trópicos resulta casi imposible, pero cabría la posibilidad de investigar el ADN de humanos modernos en busca de ADN superarcaico que pudiera proceder del *Homo erectus*.

Y así nuestro equipo investigó datos genéticos de más de 400 poblaciones de todo el mundo, la mitad aproximada de

las cuales eran de habitantes actuales del archipiélago malayo y Nueva Guinea. Se extrajeron los tramos de ADN denisovano y neandertal, dejando entre 15 y 18 MB (megabases) de ADN que pudieran proceder de otras fuentes arcaicas (comparadas con unas 12,5 MB de otras poblaciones euroasiáticas). Para hacernos una idea del tamaño de estas porciones de ADN, cuando consideramos el ADN total de denisovanos y neandertales en una persona de Nueva Guinea, estamos refiriéndonos a unas 239 MB, [25] así que esta es una proporción adicional muy pequeña (~ 0,6 por ciento del total). Parece prometedor, pero, en realidad, creemos que la mayor proporción registrada en poblaciones del archipiélago malayo y papúes podría atribuirse a un ADN, procedente en realidad de neandertales o denisovanos, que los métodos estadísticos aplicados son incapaces de detectar. Tomando esto en cuenta, no encontramos diferencia al comparar la proporción deducida de ADN superarcaico en papúes o australianos con la de cualquier otra población. En consecuencia, los resultados obtenidos hasta el momento actual indican que no hay evidencia de cruce entre el *Homo erectus* y los primeros *Homo sapiens*. Si el *Homo erectus* estuvo presente hasta hace 50 000 años en el archipiélago malayo —y, como hemos visto, todavía están apareciendo evidencias—, parece que no se cruzaron con nosotros.

Es necesario hacer una advertencia final sobre el término «población fantasma». Debemos recordar que el concepto surge de bloques de ADN que no pueden alinearse con secuencias ya existentes, y que, por tanto, se emplea para reflejar la probable presencia de una población aún no identifica-

da en el registro fósil. Estas poblaciones fantasma se identifican mediante programas estadísticos que analizan conjuntos de cruzamientos, [26] y al ser el producto de herramientas estadísticas, comportan un cierto grado de incertidumbre. Es muy posible que existan grupos fantasma, pero su existencia debe verificarse en trabajos de campo con huesos antiguos y análisis de ADN antes de que podamos estar seguros de que son reales y no meros constructos estadísticos. Asimismo, debemos recordar una vez más que las poblaciones fantasma quizá sean un mero reflejo de datos perdidos en la variación genómica de nuestra especie; puede que desaparezcan a medida que mapeemos más genomas modernos y antiguos.

Nos estamos acercando a descifrar qué ocurrió con aquellas oleadas de antepasados humanos que partieron de África y fueron a parar a los confines del sureste asiático. No parece haber en los humanos vivos ninguna ascendencia superarcaica que pueda vincularse al *Homo erectus*. De ser verdad, esto implica que no coincidimos en el archipiélago malayo. Los denisovanos, por otra parte, parecen presentar evidencia genética de ADN procedente de un grupo todavía no secuenciado (una población fantasma). ¿Pudo ser el *Homo erectus* la población introgresora? Las dataciones de Ngandong sugieren que este antepasado humano vivió hasta hace por lo menos unos 100 000 años, y bien pudiera haber coincidido con los denisovanos. A medida que averigüemos más sobre estas diferentes poblaciones denisovanas y su distribución geográfica, quizá encontremos las pistas demográficas para averiguar cuándo ocurrió esta posible coincidencia. Por

lo visto hasta ahora, con encuentros y cruzamientos entre diversos grupos humanos, creo que, si las dataciones son correctas, resulta probable que se produjera alguna interacción y flujo genético entre ellos. El tiempo lo dirá.

Capítulo 14

Desaparecidos del mundo

Da que pensar, si consideramos la extraordinaria variedad de la condición humana, que ahora solo pervivamos nosotros. Como dijo Carl Sagan: «La extinción es la regla, la supervivencia es la excepción». [1] Vemos tantas formas de vida extintas en el registro fósil que se concluye que la desaparición es claramente el desenlace más común para la mayoría de las especies que han existido en nuestro planeta. De los parientes humanos que hemos conocido en este libro, ninguno que parezca haber coexistido con nosotros hasta hace 40 000-50 000 años se halla hoy presente: desde dos o tres poblaciones diferentes de denisovanos hasta los neandertales, *hobbits* y probablemente también *Homo erectus*. Estamos solos en el mundo, única rama superviviente de un género llamado *«Homo»* que apareció por primera vez en África en algún momento después de hace 2,5 millones de años.

¿Cómo y por qué sucedió esto? ¿Tuvo que ver la desaparición de los otros grupos con alguna ventaja genética, cultural o tecnológica que nosotros poseemos y ellos no? ¿Desempeñó la enfermedad o un desastre natural algún papel? ¿O fue solo cuestión de suerte?

De todos los miembros extintos de la familia humana con que nos hemos topado hasta ahora, los neandertales son los más conocidos, y sabemos más sobre su desaparición que sobre la de cualquiera de los otros. En el caso de los denisovanos, su descubrimiento fue reciente y todavía avanzamos a tientas en todo lo relativo a su distribución geográfica, dataciones y adaptación cultural. La ausencia de restos humanos comporta que en el momento presente cualquier idea sobre el momento de su desaparición es por fuerza aproximada. Pero, aun así, hay algo que podemos afirmar, fundándonos en los estudios genéticos de casos antiguos y modernos, como veremos enseguida.

De los *hobbits* también sabemos muy poco. La cuestión de la coincidencia o contacto entre las dos poblaciones todavía está por confirmar. A mi entender, parece más probable que los *hobbits* desaparecieran en el mismo momento o después de la llegada de los humanos modernos, y así lo confirman trabajos recientes. Los nuevos análisis practicados en Liang Bua, por ejemplo, han descubierto que, tras la extinción de los *hobbits*, junto con cigüeñas gigantes y buitres, hace unos 50 000 años se operó un cambio significativo en el tipo de piedra utilizado para fabricar utensilios en el yacimiento. El uso del pedernal empieza a imponerse abrumadoramente desde hace unos 46 000 años, lo que se ha vinculado a la presencia de humanos modernos. [2] Si hubo interacción entre los *hobbits* y nosotros, no se puede saber aún con certeza, pero después de haber sobrevivido en Flores durante cientos de miles de años, parecería extraño que los *hobbits* hubieran desaparecido antes de nuestra llegada. Por otra parte, hay

evidencia del impacto de los volcanes sobre las poblaciones humanas de la isla. En Flores se han encontrado capas de cenizas volcánicas, las llamadas tefras, de hace unos 47 000-50 000 años. Quizá los *hobbits* se vieron gravemente afectados por estas erupciones. Sabemos que otras erupciones volcánicas registradas hace unos 12 000-13 000 años surtieron graves efectos en las poblaciones animales. Tal vez cuando los humanos llegaron a Flores se encontraron con que eran las únicas personas de la isla, y que todos sus pequeños ocupantes anteriores habían desaparecido recientemente.

Podría ocurrir, sin embargo, que los *hobbits* hubieran sobrevivido más tiempo. En el momento del descubrimiento inicial, circularon especulaciones sobre grupos de personas pequeñas que podrían haber vivido en Flores hasta los últimos 200 años. La tradición oral sugiere que estas gentes, llamadas *ebu gogo* por los isleños, vivieron entre las sombras, cerca de las aldeas, hasta la época de la primera colonización neerlandesa. Se ha afirmado que esto es solo un mito local, algo común a muchos grupos culturales, como las hadas o las brujas de los bosques. Curiosamente, sí que habitan personas de corta estatura en Flores, y cerca del yacimiento de Liang Bua. En un pueblo llamado Rampasasa hay una población de individuos de menos de 145 centímetros de estatura. [3] Los científicos efectuaron análisis para determinar si estaban genéticamente emparentados con los *hobbits*, pero resultó que no. Sin embargo, los datos genómicos demostraron que presentan variantes estrechamente asociadas con fenotipos de estatura, como ocurre con las poblaciones pigmeas del África ecuatorial. Estas variantes se encuentran también

de ordinario en Asia oriental, pero en Flores, y entre este grupo, habían experimentado una fuerte selección. Esto podría guardar relación con la dieta, porque se había seleccionado en el grupo un conjunto de variantes genéticas vinculadas a la producción de ácidos grasos, lo que demuestra que el empequeñecimiento se ha producido en Flores no una vez, sino dos, y que la hipótesis de una supervivencia inesperadamente tardía de los *hobbits* no puede sustentarse en los habitantes de Rampasasa.

Es una creencia muy extendida que la causa principal de las extinciones, tanto de otros humanos como de muchos animales, es la rápida llegada del *Homo sapiens*. Pero ¿hasta qué punto se fundamenta esta opinión en aspectos de nuestra pretendida superioridad humana? Como últimos supervivientes, ¿no quiere esto decir que somos por naturaleza los más triunfadores, los ganadores de la «supervivencia del más apto» de que hablaba Herbert Spencer? Esta era ciertamente mi intuición cuando empecé a trabajar en la supervivencia de los neandertales en Europa a principios de la década del 2000. Creía que los neandertales probablemente desaparecieron con rapidez tras la llegada de los primeros humanos a la región. Ya hemos visto cómo suscitó gran polémica el grado de coincidencia y la posible evidencia de «aculturación» de los neandertales por los primeros *Homo sapiens*. En la raíz de esta controversia había una interpretación de la evidencia radiocarbónica y de las secuencias estratigráficas de muchos yacimientos europeos.

El mejor registro de los neandertales y, por tanto, de su desaparición, se encuentra en Europa occidental. Cuando los

arqueólogos examinaron la secuencia de estratos culturales en los yacimientos arqueológicos europeos, advirtieron que en algunos casos había una delgada capa estéril entre los niveles neandertales más recientes —por lo común el Musteriense o, en algunas zonas, el Châtelperroniense— y el nivel humano moderno más antiguo, a menudo asociado con el Auriñaciense hacia el período de hace 35 000-42 000 años. Esta evidencia se esgrimió para sugerir que quizá hubo escaso o nulo contacto, porque los neandertales ya habían desaparecido antes de nuestra llegada. Los argumentos a favor de que en algunos ejemplos se había producido un «interestratificación» de las industrias auriñaciense y musteriense/châtelperroniense fueron objeto de intensos debates y, sin excepción, se demostraron carentes de evidencia sólida. [4]

A mediados de la década del 2000, sin embargo, se extendió la percepción de que en algunas regiones los neandertales habían sobrevivido hasta época bastante tardía; por ejemplo, en algunas zonas de Europa las dataciones radiocarbónicas de huesos neandertales les asignaron la joven edad de 28 000-30 000 años.

El sur de Iberia representaba una especie de último baluarte de los neandertales, y uno de los sitios clave en este tema es Gibraltar. Gibraltar es un lugar insólito: la roca caliza de 6 km de ancho en que se asienta parece surgida del contorno de la España peninsular como el resultado de un estallido sísmico. Y, de hecho, así fue como se formó Gibraltar hace millones de años: la lenta colisión de las placas continentales africana y europea elevó la Roca hasta su altitud actual de 436 m sobre el nivel del mar. [5]

Varios yacimientos arqueológicos de Gibraltar han revelado ocupaciones sucesivas por los neandertales y, después, por el *Homo sapiens*. El más importante es la cueva de Gorham. El yacimiento ha sido excavado varias veces a lo largo de los años, pero entre 1999 y el 2005 el director del Museo de Gibraltar, Clive Finlayson, dirigió una nueva campaña en lo más profundo de la cueva. (Las excavaciones anteriores se habían efectuado en la entrada.) [6] Se encontraron cuatro niveles arqueológicos, el más antiguo de los cuales era el musteriense neandertal.

Las dataciones radiocarbónicas asignaron a este nivel una sorprendente juventud: abarcaba diez milenios, hace entre 27 000 y 37 000 años. [7] Partiendo de un solo hogar, las dataciones cubrían una franja inesperadamente ancha de 6000 años. ¿Cómo podía ser? Para mí evidenciaba un problema de datación, pero Finlayson sostenía que la zona constituía un lugar privilegiado y que, por tanto, los humanos la habían ocupado en repetidas ocasiones. Es verdad que Gibraltar ofrece hábitats muy diversos de fácil acceso, como costa, bosques, humedales y estuarios. Los neandertales u otros humanos tuvieron la oportunidad de vivir aquí todo el año, así que no es de extrañar que los yacimientos ofrezcan evidencia de más 100 000 años de ocupación. Finlayson y su equipo, haciendo cálculos prudentes, estimaron que la desaparición de los neandertales en Gibraltar ocurrió hace solo 32 000 años.

Escéptico ante las dataciones radiocarbónicas, quise verificarlas por mi cuenta y en el 2008 visité Gibraltar con Rachel Wood, por entonces alumna mía, y junto con Clive tomamos

muestras de 50 huesos. Tenía fundadas esperanzas de que así podríamos comprobar si las dataciones originales eran correctas. Por desgracia, ninguna conservaba el menor rastro de colágeno; eran indatables. Poder determinar si la cronología original era correcta quedaba fuera de nuestro alcance. Hasta que se disponga de mejor evidencia, me mantengo escéptico respecto a la presencia de los neandertales en Gibraltar mucho tiempo después de que habitaran en otros yacimientos europeos.

Otros investigadores creen también que Iberia es una zona donde los neandertales sobrevivieron más tiempo que en otros lugares de Europa; sugieren que hace entre 40 000 y 37 000 años, los neandertales del sur de España quedaron efectivamente aislados del *Homo sapiens* por el cambio climático, [8] y que existió una barrera biogeográfica que se extendía a lo largo del valle del Ebro (véase la figura 5 en la página 48). Hace entre 40 000 y 38 000 años el evento Heinrich 4, o H4, asoló Europa. (Los eventos Heinrich introducen periódicamente condiciones de un frío extremo provocado por el derretimiento de los icebergs de las capas de hielo de Norteamérica en el Atlántico Norte y el consiguiente apagado de la calefacción central que proporcionan las aguas templadas en su desplazamiento desde Norteamérica hasta Europa occidental; véase el capítulo 9.) Las temperaturas ibéricas se desplomaron, los bosques menguaron y las condiciones semidesérticas se extendieron. Puede que el sur de Iberia no fuera en líneas generales una región atrayente en aquel período, y que esto quedara reflejado en el reducido número de yacimientos arqueológicos. Dudo, no obstante, que única-

mente hubiera neandertales al sur de esta supuesta barrera biogeográfica. La construcción de modelos ecológicos indica que neandertales y *Homo sapiens* tuvieron una manera similar de vida y de adaptación a la Edad de Hielo. No me queda muy claro por qué habrían de cambiar durante este período. Considero improbable que funcionara una frontera o barrera como esta.

Buena parte de mi trabajo se ha centrado en la mejora del registro de dataciones radiocarbónicas de este período para calcular con mayor fiabilidad la extinción de los neandertales. Ideamos métodos más fiables para tratar químicamente y limpiar muestras óseas para la datación radiocarbónica con AMS, lo que incluye la ultrafiltración del colágeno del hueso que presenté en el capítulo 8. Más recientemente, mi laboratorio ha introducido nuevas mejoras para datar los huesos. Hemos perfeccionado un método para tomar un solo aminoácido (hidroxiprolina) del colágeno del hueso, lo que permite eliminar eficazmente *todos* los contaminantes. Observamos que cuando datábamos de nuevo muestras a las que antes se les habían asignado resultados sorprendentemente recientes, las dataciones obtenidas con estos métodos eran casi siempre más antiguas, algo coherente con las mejoras en la eliminación de la contaminación residual.

Por ejemplo, los huesos encontrados cerca de los restos neandertales de Zafarraya en el sur de España resultaron tener más de 50 000 años de antigüedad, en vez de los 30 000 de la medición anterior.[9] La tesis doctoral de Rachel Wood estudiaba la cronología de muchos de estos yacimientos del sur de Iberia y otros del norte. Como vimos antes, la data-

ción de yacimientos con supuesta evidencia de neandertales tardíos demostró que en todos los casos estaban afectados por la contaminación y eran, en realidad, mucho más antiguos. Su conclusión era que, si bien los neandertales *podrían* haber sobrevivido aquí hasta época tardía, no había evidencia sólida que lo acreditara. Una nueva medición de uno de los dos neandertales del yacimiento de Mezmáiskaya en Rusia elevó su edad en más de 10 000 años. [10] El mismo patrón se repitió en muchos yacimientos; de hecho, en el 2010 calculé que más del 70 por ciento de las dataciones previas en yacimientos neandertales arrojaban una edad inferior a la real. [11] Esta cifra demuestra hasta qué punto nuestras dataciones iniciales estaban lisa y llanamente equivocadas y cómo nuestras interpretaciones de lo que sucedió realmente en el Paleolítico se han visto condicionadas por dataciones deficientes y nada fiables.

En el 2014 contaba ya con unas 200 dataciones nuevas de 40 yacimientos en los que había trabajado en la década anterior para ayudarme a precisar la fecha de la extinción neandertal. Utilicé el mismo modelo bayesiano que expuse en el capítulo 8. El modelo final (se muestra en la figura 35) indicaba que hace entre 39 000 y 41 000 años los neandertales desaparecieron. [12]

En el 2015 se publicaron nuevas e interesantes evidencias que refrendaban este cálculo. Allá por el 2003 había trabajado en otro fósil humano de un yacimiento de los montes Cárpatos de Rumanía llamado Peştera cu Oase (cueva con huesos). El yacimiento lo habían encontrado unos espeleólogos en medio de un laberinto de túneles kársticos en febrero

del 2002. Habían reparado en un arroyo que desaparecía en la roca caliza por el costado de un cerro y salía burbujeando a menor altura por el otro lado. Supusieron que en el interior debía de haber cavernas aún por descubrir, pero el acceso les resultó difícil. Al final descubrieron una combinación de cavernas y fisuras horizontales, muchas anegadas. En una encontraron huesos de animales del Pleistoceno, en su mayoría osos, diseminados por el suelo. Uno de los espeleólogos reparó en la forma inconfundible de una mandíbula humana en perfecto estado de conservación yaciendo sobre un lecho de calcita. [13] Un pequeño fragmento de esa mandíbula se me envió después para su datación. Trabajando con otro laboratorio, obtuvimos una edad que indicaba que el espécimen databa de hace entre 39 000 y 41 000 años. La mandíbula era prominente, lo que indica la probabilidad de que se tratara de un humano moderno. Sin embargo, los antropólogos físicos que trabajaron con el espécimen identificaron algunos de sus rasgos como similares a los de los neandertales. [14] La mandíbula, dijeron, era interesante porque no parecía particularmente moderna. [15] Por ejemplo, la forma del llamado «foramen mandibular» (pequeño orificio en la mandíbula por donde pasan los nervios y las arterias) recordaba a los neandertales. Cuando se midieron los molares, también se observó más similitud con los neandertales que con los *Homo sapiens*. Concluyeron que esto implicaba la posibilidad de alguna mezcla entre neandertales y humanos modernos.

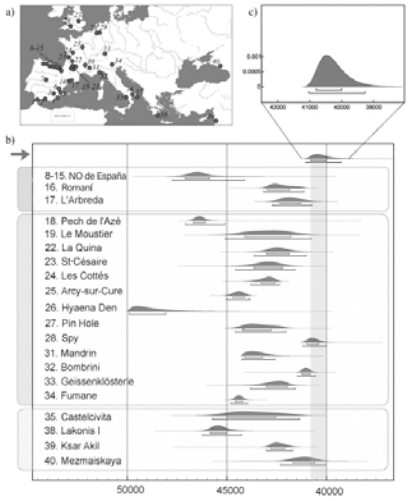


Figura 35. a) Yacimientos datados con evidencia neandertal (Musteriense y Châtelperroniense). b) Modelo bayesiano de los yacimientos datados. c) Cálculo del momento de desaparición de los neandertales.

Figura 36. Sección del genoma del Hombre de Oase (línea superior). La línea negra indica las posiciones de los alelos de apariencia neandertal en el genoma. Debajo de Oase está Ust'-Ishim, y por debajo de este se muestran, a efectos comparativos, los genomas de tres humanos modernos: una persona china de la etnia han, una persona francesa y una persona dinka (de Sudán del Sur). El sombreado gris de la parte superior indica la zona de fuerte ascendencia neandertal en Oase, que denota un antepasado neandertal muy reciente. Esta sección del genoma es el cromosoma 12, uno de los 22 cromosomas estudiados (modificado según Fu *et al.* 2015; véase nota 292).

Más de una década después se extrajo ADN de la mandíbula de Oase. Los genetistas del Instituto Max Planck descubrieron que el 6-9 por ciento del ADN de Oase procedía de neandertales. Algunas porciones del ADN neandertal eran tan grandes que quedaba claro que había transcurrido un

corto lapso de tiempo desde que ocurrió la introgresión. Entre cuatro y seis generaciones antes de que viviera, el Hombre de Oase tuvo un antepasado neandertal, quizá un tatarabuelo o tátara-tatarabuelo. [16] Oase funciona, por tanto, como una datación, casi la más tardía posible, de la presencia neandertal en Europa, [17] y además, encaja a la perfección con el cálculo que habíamos obtenido para los últimos neandertales europeos.

Al tiempo que hemos ido resolviendo las edades de los últimos neandertales, las dataciones de los primeros *Homo sapiens* en Europa también se han modificado. Hemos tenido indicios de que los primeros *Homo sapiens* europeos no fueron los auriñacienses, cuya antigüedad datamos en menos de 42 000 años. Contamos con evidencia de humanos tempranos en Italia y Grecia que se remontan a hace 45 000 años, si no algo más atrás (los niveles más antiguos aún no se han datado). [18] Esta datación se fundamenta en un nuevo análisis de dos dientes del yacimiento de la Grotta del Cavallo, en el sur de Italia, que hasta entonces se creían neandertales. El reanálisis de los dientes demostró que pertenecían, en realidad, a humanos modernos, lo que indicaba una presencia preauriñaciense de humanos en el sur de Europa asociada a una industria lítica de transición denominada Uluzziense. Estas fechas tempranas han quedado confirmadas en el yacimiento búlgaro de Bacho Kiro, donde encontramos útiles y huesos humanos del Paleolítico Superior Inicial que datan del mismo período que Cavallo. [19] En capítulos precedentes ya vimos la nueva evidencia de la Grotte Mandrin en el sur de Francia, que parece demostrar una presencia aún más

temprana de humanos modernos, hace 50 000 años, con un tipo de utensilios del Paleolítico Superior Inicial completamente distintos de los fabricados por los neandertales europeos. Si comparamos los cálculos para los neandertales más tardíos y para los *Homo sapiens* más tempranos, se nos revela una significativa coincidencia en el tiempo: hasta 10 000 años, un lapso mucho más largo de lo que nunca creí posible. Como dije anteriormente, yo esperaba un período de coincidencia temporal mucho más corto. ¿Cómo podemos explicarlo?

No es imposible imaginar a ambos grupos viviendo uno junto a otro. Por todo el continente habitaron, sin duda, poblaciones humanas diferentes durante un largo período de tiempo, formando una suerte de mosaico. En algunas regiones, la presencia de los neandertales parece más tardía, hace unos 40 000 años, mientras que en otras dan la impresión de haber desaparecido hasta 5000 años antes. Podemos imaginarnos ese mosaico vivo de grupos humanos que coincidieron más o menos en el tiempo en distintas regiones europeas, pero manteniendo un cierto grado de separación unos de otros. Disponemos de evidencia directa de coincidencia e interacción en Oase, pero entre los neandertales tardíos no hemos encontrado todavía evidencia de la introgresión de ADN humano moderno. [20 - 21] Parece claro que la idea de una invasión de humanos modernos en Europa, que trajera aparejada una rápida desaparición de los neandertales, sencillamente no se tiene en pie. Durante más de diez milenios antes de su extinción final hace 39 000 años, los neandertales fue-

ron nuestros vecinos y quizá nuestros amigos, acaso esporádicamente nuestros amantes y a veces nuestros enemigos.

La idea de que los neandertales no sucumbieron rápidamente ante la penetración de los humanos modernos en su territorio echa por tierra una gran cantidad de publicaciones que habían sugerido lo contrario. [22] El modelo de una rápida desaparición de los neandertales al tiempo que nuestra especie, dotada de superioridad cognitiva y tecnológica, se extendía por Europa puede arrumbarse. Dicho modelo se construyó sobre la base de una cronología superficial e influido por la evidencia arqueológica asociada al Paleolítico Superior Temprano europeo, en el que vemos una proliferación de artefactos simbólicos que aparecen de manera relativamente súbita en términos arqueológicos. Lo inesperado de esta aparición se tomó como evidencia de la llegada y dispersión relativamente rápidas de los humanos modernos y la consiguiente desaparición de los neandertales. Ahora, por supuesto, tenemos constancia de que también los neandertales eran capaces de crear algunos de estos objetos; quizá no en igual número que el *Homo sapiens* del Auriñaciense tardío, pero así y todo fueron capaces, como lo atestiguan los dos yacimientos neandertales del Châtelperroniense tardío que describimos en el capítulo 2. La llegada de los humanos modernos parece haber sido un proceso complejo que duró algún tiempo.

¿Pudo ocurrir que cualquier ventaja que tuvieran los humanos modernos surgiera durante un período de tiempo más

largo, en el transcurso del cual superaron en competencias a los neandertales de modo más sutil? Las investigaciones han demostrado que los humanos modernos y los neandertales ocuparon nichos ecológicos y medios naturales muy similares. Y allí donde se observan diferencias en la fauna que cazaban los neandertales o los humanos modernos, creo que el clima y las influencias ambientales desempeñaron, probablemente, un papel más relevante que la capacidad cognitiva innata o las diferencias de comportamiento. No obstante, es posible que durante el largo período de coincidencia las pequeñas ventajas de un grupo pudieran haberse incrementado notablemente. Ahora nos corresponde determinar, a partir de un registro arqueológico fragmentario, cuáles pudieron ser esas ventajas.

Nuestro mundo padece periódicamente las consecuencias de un desastre natural —un terremoto, un tsunami o, cada vez más, catástrofes relacionadas con el clima—, que en el mundo académico suelen ir acompañadas de preguntas sobre los efectos de acontecimientos similares en el pasado remoto. El tsunami que devastó el norte de Nueva Guinea en 1998 alentó investigaciones encaminadas a detectar antiguos tsunamis en las costas de diferentes lugares. También las erupciones volcánicas nos recuerdan periódicamente la devastación que pueden provocar en el mundo natural y el género humano. La erupción del Tambora en 1815 trajo aparejada la ausencia de verano al año siguiente. ¿Pudo una gran erupción volcánica haber acelerado la desaparición de los neandertales o incluso causado su extinción?

Las erupciones pasadas dejan evidencia en forma de cenizas volcánicas, o tefra, en diferentes archivos de la Tierra, en turberas, lagos y sedimentos marinos. Si tomamos un núcleo de una turbera en cualquier paraje de Europa, es altamente probable que identifiquemos delgadas capas de cenizas dentro de la turba más oscura. A veces la ceniza volcánica se evidencia solo por uno o dos fragmentos de cristal volcánico (microtefra) que pueden detectarse con microscopios de gran potencia. Datando la turba por encima y por debajo de las capas podemos fechar el evento volcánico pasado. Cuando analizamos la estructura geoquímica del cristal volcánico, y sus elementos menores, podemos identificar la huella dactilar de un volcán concreto y asociar la arena del lugar con el volcán del que procede. De esta manera es posible construir una historia de los distintos volcanes y de cuándo erupcionaron en el transcurso de miles de años.

Hace unos 39 300 años, cuando el evento H4 empezaba a desencadenar en Europa la devastación de las más crudas condiciones glaciales, entró en erupción un volcán cerca de lo que hoy es Nápoles. Las inmensas cantidades de ceniza volcánica expulsada por los Campos Flégreos cubrieron de roca y ceniza una vasta zona que se extendía hacia el noreste desde el sur de Italia hasta Rusia, Turquía, parte de Europa central y Ucrania. [23 - 24] Podemos hacernos una idea del terrible impacto de esa erupción en varios yacimientos arqueológicos, a cuya ocupación puso un catastrófico final. Kostenki, en Rusia occidental, reveló niveles de ocupación que quedaron sellados por la ceniza. [25] Los excavadores lo denominaron la «Pompeya del Paleolítico», describiendo así el proba-

ble impacto de la erupción. Kostenki dista casi 3000 km del origen de la erupción. ¿Cómo debió de haber afectado a las gentes que vivían más cerca del volcán? Cincuenta kilómetros al este de los Campos Flégreos se encuentra el yacimiento arqueológico de Serino, que quedó enterrado bajo más de 3 m de ceniza volcánica. A corto plazo los efectos fueron lógicamente devastadores, pero resulta un poco más difícil evaluarlos a la larga. Se expulsó un volumen de ceniza de entre 250 y 300 km^3, que pudo producir un efecto similar a un invierno nuclear, [26] y que quizá, como en Tambora, afectó al clima del año siguiente o durante más tiempo. No obstante, estos efectos habrían sido relativamente cortos; otro trabajo ha demostrado que los impactos de una gran erupción volcánica en materia de enfriamiento climático y deposición ácida solo duran uno o dos años a lo sumo. [27]

Al evaluar el impacto del volcán sobre los neandertales, sin embargo, es importante señalar que quienes vivían en Kostenki y Serino no eran neandertales, sino humanos modernos. Como hemos visto, los *Homo sapiens* se extendieron por Europa hace 40 000-45 000 años, incluso antes en el caso de Mandrin, y prácticamente habían reemplazado a los neandertales en el momento de la erupción. Apenas cabe duda de que, dependiendo del lugar, las poblaciones humanas se vieron afectadas, pero no me parece muy probable que los neandertales desaparecieran por una erupción volcánica. Los humanos modernos, por otra parte, podrían haberse visto afectados. La evidencia genómica que nos proporcionan humanos modernos de hace más de 40 000 años, como los encontrados en Oase y Ust'-Ishim, demuestra que no dejaron

descendientes en las poblaciones modernas. Fue solo después de hace 40 000 años cuando vemos humanos con quienes compartimos alguna ascendencia genética. Esto indica que por aquella época pudo producirse una renovación poblacional. Necesitamos más dataciones antes de poder culpar a la Ignimbrita Campana, pero entra en lo posible que, pese a su brevedad, ejerciera una influencia significativa en las poblaciones humanas.

Figura 37. Yacimiento de Serino. La flecha blanca indica un hogar auriñaciense (primeros humanos). Encima hay ceniza volcánica de los Campos Flégreos.

Algunos investigadores creen que la enfermedad pudo haber aniquilado a los neandertales, o haberles afectado gravemente, y en este sentido se ha estudiado la posible importancia de las encefalopatías espongiformes transmisibles. [28] Este término designa diversas enfermedades relacionadas con priones malignos, de las cuales la más conocida es la enfermedad de Creutzfeldt-Jakob (ECJ). (Los priones son proteínas con pliegues anormales.) La variante ECJ está asociada a la versión bovina de la enfermedad, la encefalopatía espongiforme bovina o EEB, conocida popularmente como «enfermedad de las vacas locas», que se transmite a los humanos por el consumo de carne afectada por EEB. El impacto de es-

te tipo de enfermedad en poblaciones pequeñas y dispersas de cazadores-recolectores pudo comprobarse en la tribu fore de Nueva Guinea a mediados del siglo XX. Allí se conocía como *kuru*, y se propagó por el canibalismo funerario, y más concretamente por la costumbre, extendida entre mujeres y niños, de comerse los cerebros de parientes fallecidos como parte de un proceso que según su creencia liberaba el espíritu del muerto. [29] Unas 200 personas morían por *kuru* cada año en la década de 1950 hasta que se descubrió la causa de su fallecimiento. [30] En el caso de los neandertales, existe evidencia de comportamiento caníbal, como ya hemos visto, de modo que la transmisión de la enfermedad pudo seguir un proceso similar al de los fores. Es difícil, sin embargo, concebir un canibalismo generalizado en los vastos territorios donde vivían los neandertales. Como veremos más adelante, creo que la población neandertal era reducida y dispersa, y en consecuencia el tamaño de los grupos y las redes que los unían era igualmente pequeño. Además, si bien hay otras vías de transmisión, como el uso compartido de herramientas infectadas durante el despiece de los animales, esta práctica no estaría exclusivamente ligada a los neandertales. [31] Creo que la enfermedad constituye una influencia posiblemente importante en un ámbito local, más que un factor causante de la extinción.

También se ha apelado a la importancia del cambio climático. Algunos investigadores han postulado que la radiación pudo haber influido en la desaparición de los neandertales. Hace unos 42 000 años, el escudo geomagnético de la Tierra que nos protege del incremento de la radiación solar experi-

mentó una reducción sustancial. A este fenómeno se le conoce como el «evento de Laschamp», y puede que la disminución del escudo protector contra el sol estuviera ligada a un aumento de la radiación UV que provoca el aumento de los cánceres de piel y daños en la inmunidad celular y el tejido ocular. [32] Pero, sin duda, los *Homo sapiens* que vivieron en el mismo período también habrían sufrido idénticas consecuencias. Los investigadores que apoyaban esta hipótesis sugieren que el color de la piel desempeñó un papel y que los neandertales eran, probablemente, de tez más pálida y se vieron, por tanto, más afectados que el *Homo sapiens*. Pero como veremos en el capítulo siguiente, hay varios alelos que pueden influir en el color de la piel de una persona, y es más probable que, al igual que nosotros, los neandertales presentaran una amplia variedad de pieles dependiendo de la zona y del clima. Una vez más, encuentro interesante esta posibilidad, pero creo improbable que fuera el factor causal.

Las oscilaciones climáticas registradas mientras los neandertales vivían en Europa demuestran que fueron capaces de sobrevivir a poderosas tensiones ambientales. Me parecería raro entonces, suponiendo que la desaparición ocurriera hace 39 000-41 000 años, que su extinción coincidiera con una de las fases más benignas de la última glaciación. No obstante, algunos han apuntado que los neandertales fueron una población sometida a la presión de los climas rigurosos de la Europa septentrional. También es cierto que los animales y los cazadores-recolectores de climas más frescos registran una menor densidad poblacional en comparación con los habitantes de regiones más benignas. El tamaño de la pobla-

ción neandertal podría ser un factor importante para colegir por qué desaparecieron.

Pero ¿cómo podemos averiguar los tamaños de poblaciones del pasado? Un método ha consistido en estudiar los yacimientos y la densidad de los yacimientos, y a partir de ahí inferir provisionalmente el tamaño de la población; [33] pero estas técnicas se han tildado de poco fiables. [34] Resulta que los genomas de alta cobertura que ahora tenemos proporcionan elocuentes indicios sobre los tamaños de las poblaciones y lo que podría haberles ocurrido a los neandertales, y quizá también a los denisovanos.

Los genomas nucleares contienen un registro de la historia poblacional que se remonta a generaciones y puede conocerse mediante análisis estadístico. [35] El genoma de Denísova 5, la llamada neandertal de Altái, proporcionó mucha información porque contenía largos tramos de «homocigosidad», [36] que se produce cuando una persona hereda alelos idénticos en ambas parejas de cromosomas. [37] Cuando este fenómeno se observa con frecuencia en el genoma, indica que los padres de un niño eran parientes cercanos. Las largas secciones de homocigosidad en el genoma de la neandertal de Altái solo pueden explicarse por el estrecho parentesco entre sus padres: primos hermanos, abuelo-abuela, hermanastros o tío-sobrina. El grado de homocigosidad es mucho más alto que en cualquier grupo humano actual, y que en la mayoría de los organismos de la Tierra. Las pruebas demostraron que no se debía a un cuello de botella, como ocurre

cuando un grupo pequeño queda aislado con una diversidad genética forzosamente más baja; era un problema a largo plazo inherente al pequeño tamaño de la población. [38]

Por el contrario, los denisovanos solo poseen una parte de la heterocigosidad de los grupos de cazadores-recolectores de África y Sudamérica (20-40 por ciento), pero carecen de los largos tramos de homocigosidad que vemos en los genomas neandertales de que disponemos. La explicación más probable para los denisovanos es la baja diversidad genética de su población, más que la endogamia derivada de su escasa población. [39]

Esta información puede servir asimismo para reconstruir una historia demográfica. [40] Lo que resulta fascinante cuando se practica este análisis es que las historias poblacionales de *Homo sapiens*, denisovanos y neandertales presentan patrones similares, con números en disminución hasta hace un millón de años; pero, a partir de ese momento, el número de *Homo sapiens* se incrementa, en tanto que los otros dos grupos experimentaron una disminución constante hace 100 000-50 000 años, camino de su desaparición final. [41]

Los genomas de alta cobertura del *Homo sapiens,* por el contrario, demuestran que la endogamia en estos grupos no era ni de lejos tan elevada como en los neandertales de Altái. Los padres del Hombre de Ust'-Ishim, por ejemplo, no guardaban ningún parentesco. [42] En el yacimiento ruso de Sungir, donde se encontraron tres *Homo sapiens* de 35 000 años de edad enterrados entre grandes riquezas, [43] el análisis reveló que su grado de endogamia era también reducido. Eran un

grupo genéticamente muy diverso con una población de tamaño equivalente a la de la mayoría de los grupos de cazadores-recolectores modernos de la Amazonía. [44] Esto sugiere que grupos como los de Ust'-Ishim y Sungir mantenían fuertes redes de interacción con otros e intercambiaban parejas con ellos.

Sabemos, pues, por los datos genéticos, que las poblaciones de humanos modernos fueron más numerosas que las de denisovanos y neandertales durante períodos largos. [45] Los grupos que no son *Homo sapiens* proceden de poblaciones más reducidas y con menor diversidad genética. Las poblaciones pequeñas dispersas en clanes o grupos por territorios extensos que experimentan la pérdida inesperada de una parte del grupo por mala suerte o enfermedad corren indudablemente un riesgo elevado de desaparición. La evidencia arqueológica suele indicar que los tamaños de los grupos y las redes de los neandertales y los humanos modernos eran sutilmente diferentes, y más grandes y diversos en el caso de los modernos. [46] Los grupos que quedan aislados o no consiguen mantener redes sociales pierden a la fuerza mayor diversidad genética y flexibilidad cultural, respectivamente. Quizá sea necesario contar con factores demográficos para comprender la desaparición de neandertales y denisovanos. [47]

Es interesante señalar también cómo los recientes trabajos de modelización han demostrado que incluso podrían haber bastado migraciones pequeñas y repetidas de *Homo sapiens* desde África hacia Europa a lo largo del tiempo para inclinar la balanza en contra de los neandertales. Ha quedado demos-

trado que los modelos que no presuponen ninguna ventaja selectiva para ninguno de los dos grupos, ni ninguna diferencia en el tamaño relativo de las poblaciones, predicen la desaparición de los neandertales [48] y, además, su reemplazo más o menos durante el mismo período de tiempo que hemos calculado a partir del registro arqueológico. Conforme a un denominado modelo de «deriva neutral», que da por sentado que hay una redistribución aleatoria de alelos en cada generación sin que intervenga la selección, los neandertales podrían haber sucumbido bajo el peso de la llegada de un número reducido de humanos modernos. Así de sencillo pudo haber sido.

Hemos visto cómo se han propuesto diversas explicaciones para la desaparición de los neandertales, cuya extinción es la mejor documentada entre nuestros primos evolutivos cercanos. Los datos concernientes a la desaparición de los denisovanos y de otros grupos son mucho más escasos, y una vez más debemos ser cautos al vincular causa y efecto. Mi presunción es que, a grandes rasgos, la historia de los neandertales que se ha bosquejado fue similar en otros lugares con grupos diferentes, pero esto aún queda por probar.

Aunque debemos ser prudentes en razón del carácter incompleto del registro arqueológico, los trabajos recientes indican que las diferencias numéricas de las poblaciones podrían ser significativas. Más que esgrimir como argumento la superioridad del *Homo sapiens*, pudiera ser muy bien que los neandertales fueran irremediablemente camino de su

desaparición porque eran inferiores en número y en diversidad genética. La presunta superioridad cultural de los humanos modernos quizá solo ocurrió hacia el final de un período prolongado de coincidencia de hasta 10 000 años, durante el cual ambos grupos se relacionaron y ejercieron influencias recíprocas. Me parece que la sustitución de los neandertales se produjo a ritmos diferentes y lugares distintos en el transcurso de miles de años. También sopeso la posibilidad de que los grupos de humanos modernos asimilaran a los neandertales a lo largo del tiempo.

Poco a poco, por lo que parece, los neandertales desaparecieron de la Tierra, dejando solo contados vestigios de sus vidas cotidianas en cuevas y yacimientos a cielo abierto de toda Eurasia, así como algunos de sus genes, que hoy perviven en nosotros. Es este legado el que estudiaremos a continuación.

Capítulo 15

Nuestro legado genético

Para conocernos a nosotros mismos y averiguar de dónde venimos, debemos conocer nuestra ascendencia. Ahora podemos investigar cada vez más genomas de humanos vivos y compararlos con el goteo creciente de genomas neandertales y denisovanos para explorar nuestra historia genética más antigua. ¿Cuál fue nuestra herencia genética? ¿Trajeron beneficios los genes que hoy portamos, o produjeron también efectos negativos?

Estamos empezando apenas a saber cuáles de nuestros genes provienen de nuestros primos antiguos y cuál era su función. Historiales médicos muy completos, con inclusión de genomas de alta cobertura de pacientes que consienten en compartir sus datos genéticos y personales, forman el soporte para el estudio científico de grandes bases de datos de los sistemas de salud pública. [1] Mediante este trabajo podemos empezar a ligar genes con fenotipos y situar así nuestro legado genético antiguo en su contexto.

Recuerdo bien una de las fechas decisivas al principio de esta nueva era de la arqueología y el análisis genéticos. En

junio del 2013 David Reich impartió una conferencia sobre sus recientes investigaciones ante un auditorio abarrotado en el Centro de Genética Humana de Oxford. (Tuve que subir en bicicleta la empinada Headington Hill para llegar a la sala, lo que demuestra mi interés por asistir.) Reich había sido alumno de doctorado de Zoología en la Universidad de Oxford, y dio una charla fascinante sobre el ADN de neandertales y denisovanos. Aquel mismo día él y su anfitrión, el profesor sir Peter Donnelly, sostuvieron una conversación muy importante. Donnelly trabajaba por entonces en el UK Biobank (UKB), un ambicioso proyecto científico encaminado a usar la genética para tratar enfermedades tan variadas como el cáncer, la diabetes, la artritis y la depresión. El UKB estudia un grupo inmenso de unas 500 000 personas de entre cuarenta y sesenta y nueve años de edad. Es uno de los estudios más valiosos sobre la salud humana emprendidos en el mundo por la amplitud y variedad de datos que recopila. [2] Además de resultados de ADN, se han tomado muestras de sangre, orina y saliva, junto con información detallada sobre la vida cotidiana de los sujetos, extraída de prolijos cuestionarios y evaluaciones clínicas. De esta manera conocemos todos los aspectos de la vida de los participantes en el UKB: su dieta, historial de enfermedades, respuesta a las insolaciones, el promedio temporal de uso de un teléfono móvil, aspectos de su salud mental, historia sexual, insomnio, agudeza visual, tonalidad de la piel y más detalles. Esto permite analizar la información que vincula los genomas de las personas con sus fenotipos, es decir, el modo en que estos genes se manifiestan en el medio. El grupo objeto de estudio se ha

mostrado conforme en poner todos sus datos a disposición de los científicos, y por eso se cuenta con muchos cientos de fenotipos para ser comparados, a los que continuamente se añaden más.

Donnelly había estado trabajando en el diseño de chips para filtrar e identificar los genes que quería estudiar dentro de este conjunto de datos. Le preguntó a Reich si estaría interesado en añadir algunos alelos específicos neandertales a un chip construido al efecto para poder buscarlo en la base de datos del UKB. Reich se sintió emocionado por la oportunidad que se le brindaba y envió a Donnelly información sobre unos 6000 alelos neandertales para que los incluyera en su análisis.

Los primeros análisis [3] publicados encontraron patrones interesantes y con relevancia estadística en la relación entre los alelos provenientes de neandertales y los fenotipos del UKB. [4]

Más de la mitad de las características asociadas al ADN neandertal que se registraron inicialmente como significativas guardaban relación con rasgos biológicos del pelo y la piel. Otros estudios previos habían obtenido evidencia que supuestamente relacionaba a los neandertales con el pelo rojo; [5] pero no se encontró ningún vínculo entre el ADN neandertal y el pelo rojo en los datos genómicos del UKB, lo que indica que quizá era raro o muy poco frecuente entre los neandertales. También descubrieron que aparecía ADN neandertal en más del 60 por ciento de las personas cerca de un gen llamado *BNC2*, y que los individuos del UKB porta-

dores de este ADN neandertal informaron de una alta incidencia de quemaduras solares durante la infancia y de la dificultad para el bronceado típica de las pieles blancas. Curiosamente, otros segmentos del ADN neandertal en los individuos del UKB estaban asociados a tonos de piel más aceitunados, lo que sugiere que pudo haber variación en el color de la piel y el pelo en el conjunto de la población neandertal. Dado el alto número de alelos arcaicos asociados al color de la piel y el pelo, quizá nuestros antepasados *Homo sapiens* se beneficiaron de determinados aspectos de estos rasgos neandertales adaptados y les resultó ventajoso después de que se produjera la introgresión genética con los neandertales.

¿Conoce usted a alguien que se describa como una «persona matutina»? Quizá es usted más bien una «persona vespertina», o quizá algo a medio camino. A estas categorías las llamamos «cronotipos», y da la casualidad de que tienen una fuerte base genética. Hay cuatro categorías en los conjuntos de datos del UKB: «Sin duda, una persona vespertina», «una persona más vespertina que matutina», «una persona más matutina que vespertina» y «sin duda, una persona matutina». La comparación del UKB reveló que los alelos neandertales asociados a los genes *ASB1* y *EXOC6* guardan estrecha relación con estas preferencias. Lo interesante es que se advierte una significativa asociación entre la latitud y estos cronotipos: cuanto más lejos se esté del ecuador, mayores serán las posibilidades de portar el alelo neandertal en *ASB1*. La preferencia por las mañanas parece incrementarse por la posesión de la variante alélica neandertal. [6 - 7]

El cronotipo está asociado a la exposición a la luz solar. Puesto que los neandertales se habían adaptado y habían vivido durante más de 200 000 años en las regiones septentrionales de Europa y Eurasia, parece razonable esperar en ellos una adaptación a niveles más bajos de rayos ultravioleta y horas de luz solar, en comparación con los humanos modernos, que en última instancia proceden de África. La evidencia física apoya también esta deducción. Si comparamos el tamaño de la órbita ocular y el volumen del ojo de los neandertales con los de humanos modernos de nuestros días que viven en África y latitudes inferiores, encontramos una diferencia significativa. Los neandertales tenían mayores órbitas oculares, probablemente para compensar los niveles de luz más bajos de las latitudes septentrionales y los largos períodos de oscuridad invernal. [8]

En los datos del Biobank se detectaron otros fenotipos que también estaban significativamente vinculados con alelos arcaicos. Uno de ellos era el humor. Otro, la sensación frecuente de desgana y desinterés por todo en las dos últimas semanas. Un tercero, la soledad y la sensación de aislamiento. Me pregunto si el nivel de exposición a la luz —igual que ocurre con los cronotipos, el pelo y el color de la piel— es un factor decisivo en comportamientos relacionados con el humor, y de aquí el vínculo neandertal.

Es posible que la introgresión genética provoque también impactos negativos en los portadores humanos modernos de hoy. Las investigaciones han demostrado que las variantes genéticas vinculadas al lupus, la cirrosis biliar y la enfermedad de Crown proceden también de los neandertales. [9] Uno

de los haplotipos de riesgo para la diabetes tipo 2 deriva también de la mezcla con los neandertales. [10] Los portadores de esta mutación de alto riesgo tienen el 25 por ciento más de probabilidades de padecer diabetes tipo 2. Esto no quiere decir que los neandertales tuvieran una propensión mayor a la diabetes, pues estos genes pueden funcionar de manera diferente en nuestros genomas modernos y en nuestro medio moderno. A esta característica se la denomina «exaptación», y hace referencia a las funciones adquiridas (en este caso por vía genética) para las cuales los genes no estaban inicialmente adaptados ni seleccionados. Es muy posible que en el pasado resultara ventajoso poseer la capacidad para almacenar azúcares, por ejemplo, en períodos de estrés nutricional o inanición. Eso habría supuesto una ventaja adaptativa, pero ahora ocurre a la inversa porque en Occidente solemos tener un excedente de azúcares en nuestra dieta.

En un principio pareció que con el paso del tiempo la selección redujo nuestra ascendencia neandertal desde los niveles altos próximos al momento de la introgresión hasta el 1,1-2,5 por ciento de la actualidad. [11] Investigaciones recientes han indicado, sin embargo, que esta reducción se produjo, en realidad, con bastante rapidez, en el transcurso de diez a veinte generaciones de hibridación, y que después la proporción de ADN neandertal en poblaciones no africanas se ha mantenido en un nivel muy parecido. [12]

¿Podemos advertir los efectos de la introgresión e hibridación con los neandertales en las poblaciones actuales? Sé que probablemente no soy la única persona que se ha preguntado si a alguien que conoce o ha visto le ha tocado en suerte

ser un poquito más neandertal que otros, pero ¿es esto realmente posible, o es la mera expresión de un deseo?

Estudios paleoantropológicos recientes han intentado abordar la cuestión combinando la genética con escáneres de neuroimagen de alta resolución de cráneos de humanos vivos para estudiar las diferencias de la morfología endocraneal. [13] Ya sabemos que los cráneos de neandertales y humanos modernos son de tamaño similar, pero de forma distinta. Los nuestros son más globulares y presentan prominencias por detrás y por delante, mientras que los de los neandertales son más alargados y planos. Un amplio estudio de 4468 europeos vivos demostró que las variantes introducidas por los neandertales cerca de dos genes ejercieron una leve influencia en la forma globular de sus cráneos. [14] Curiosamente, los genes implicados intervienen en una parte del cerebro llamada «ganglios profundos» y pueden influir en determinados aspectos del desarrollo neuronal de regiones del cerebro relacionadas con la memoria, la planificación y el movimiento, y quizá incluso el habla y el lenguaje. Estamos solo empezando a investigar los aspectos funcionales de los genes y a comprender lo que hacen y cómo actúan. En el futuro quizá sea posible, mediante el empleo de técnicas de edición de genes, estudiar los efectos de la presencia y ausencia de ciertos alelos en cultivos de células madre para saber cómo actúan.

A diferencia de los neandertales, mientras escribo este libro la UKB no incluye a casi nadie con ascendencia denisovana introgresionada. Lo que de verdad necesitamos es un genoma humano moderno detallado y datos fenotípicos aso-

ciados de habitantes actuales de lugares como Nueva Guinea, Melanesia, Filipinas y Australia, poblaciones en las que sabemos que existe una proporción de ADN denisovano. Solo entonces seremos realmente capaces de averiguar con exactitud lo que el ADN denisovano ha aportado funcionalmente a las personas que lo han heredado.

Con todo, en los últimos años ha aumentado la obtención de nuevos datos genéticos de diversas poblaciones, lo que está permitiendo acometer más investigaciones sobre aspectos de nuestro legado genético denisovano. En el 2016, el Proyecto de Diversidad Genómica de Simons (SGDP, por sus siglas en inglés), financiado por la Fundación Simons, informó de 300 genomas nuevos de 142 poblaciones diferentes. [15] Secuencias hasta ahora no identificadas de ADN humano revelaron el carácter incompleto de nuestra diversidad genética. Nuevas secuencias de ADN de los joisanes de África meridional y de neoguineanos, por ejemplo, añadieron el 11 y el 5 por ciento, respectivamente, a la base de datos de la variación genética humana. Esto permitió confeccionar un mapamundi más detallado de las proporciones de ADN neandertal y denisovano en humanos vivos, que demuestra la ascendencia denisovana de algunos grupos del sur de Asia. Solo la obtención de nuevos datos genéticos de personas del subcontinente hizo posible este descubrimiento. Curiosamente, el conjunto de datos del SGDP demostró una vez más que los individuos del este de Asia tienen una proporción más alta de ADN neandertal que los del oeste: justo lo contrario de lo que cabría esperar, dado que sabemos que la principal concentración de neandertales se dio en Eurasia occidental.

¿Por qué razón habrían heredado los asiáticos orientales un poco más de ADN neandertal? La respuesta la dieron en el 2020 las nuevas investigaciones sobre el ADN humano moderno en África, que toman en consideración la existencia de una pequeña cantidad de ADN neandertal en muchos africanos vivos como resultado del retorno al continente de euroasiáticos occidentales con ADN neandertal. [16] Cuando se toma en consideración este ADN y se detrae del análisis, la proporción de ADN neandertal en el este y oeste de Eurasia resulta mucho más similar. También en este caso, la obtención de nuevos datos genéticos de poblaciones hasta ahora no muestreadas disipa más sombras sobre nuestro pasado remoto.

Ya hemos visto que en su viaje de salida desde África los humanos modernos se expandieron por ambientes diversos, entre ellos los trópicos y las pluvisilvas, como observamos en la cueva de Niah y otros yacimientos del sureste y sur de Asia. Cuando fui a Niah tuve que asegurarme de que estaba debidamente vacunado contra la fiebre tifoidea, el cólera, la encefalitis japonesa y, por supuesto, la malaria; sin esta prevención hubiera tenido que depender exclusivamente de mi sistema para protegerme. La respuesta de nuestro sistema inmune a un ataque parasitario, bacteriano y vírico es fundamental para nuestra supervivencia como especie, y los genes que intervienen para protegernos son el resultado de procesos evolutivos que se han acumulado a lo largo de milenios. ¿Pudo la introgresión de alelos ventajosos de nuestros primos arcaicos haber contribuido también a la construcción de nuestro sistema inmune? Después de todo, si no andamos

errados sobre la existencia de una población de denisovanos al este de la línea de Wallace, cabría esperar que hubieran tenido tiempo para generar respuestas inmunes a algunas de las enfermedades que acechan en aquellas regiones.

Pues resulta que la respuesta es un enfático «sí». Entre los genes más positivamente seleccionados que fueron introgresionados en los humanos modernos por nuestros primos arcaicos parecen contarse genes asociados a la inmunidad. Y son muchos: alrededor de 400 variantes de genes heredados de los denisovanos guardan relación con la inmunidad o la dieta. ¿Qué hacen? Estamos todavía dando los primeros pasos para descubrirlo, pero empiezan a publicarse datos interesantes.

Una de las variantes con más alta frecuencia en papúes vivos identificadas hasta ahora se llama *TNFAIP3*, que codifica una proteína controladora de la inmunidad llamada A20. Los polimorfismos naturales (variantes genéticas) de este gen están asociados a la inmunidad sobreactiva en enfermedades autoinmunes como artritis, esclerosis múltiple, enfermedad intestinal inflamatoria y psoriasis. Los investigadores han identificado algunas variantes de este gen que incrementan la respuesta inflamatoria, que podría ser el modo como las variantes de *TNFAIP3* se asocian a la enfermedad autoinmune. En un caso, una variante del gen *TNFAIP3* es uno de estos genes denisovanos introgresionados. [17] La variante denisovana específica del gen (llamado *I207L*) comporta un cambio en un solo aminoácido de la proteína A20 (de isoleucina a leucina), lo cual basta para inducir una mayor respuesta inflamatoria en las personas que portan esta variante. Para

analizar la respuesta autoinmune de este gen en concreto, los investigadores introdujeron la variante en ratones a los que habían infectado con el virus Coxsackie, que es altamente contagioso, afecta a manos, pies y boca y ataca a los menores de cinco años. Los niños se van a acostar sintiéndose bien, pero se despiertan por la mañana con fiebre alta y cubiertos de ampollas. Los ratones con la variante *I207L* mostraron unas respuestas inmunes y una resistencia al virus, significativamente, más fuertes que quienes no la tenían.

La distribución de esta variante entre las personas modernas es muy llamativa: quienes viven al este de la línea de Wallace presentan una frecuencia muy alta, mientras que los que viven al oeste no tienen casi ninguna. Es posible que el *TNFAIP3* fuera seleccionado positivamente en los humanos después de la introgresión de los denisovanos por la protección añadida que concedía contra microbios tropicales inhabituales. El análisis de células inmunes de personas con la variante *I207L* reveló un incremento de reacciones inmunes. La reactividad inmune incrementada puede proteger a las personas frente a agentes transmisores de enfermedades como los microbios. En el archipiélago malayo y Oceanía, entre el 25 y el 75 por ciento de las personas son portadoras. En el resto del mundo no hay ninguna. Curiosamente, la variante *I207L* se encontró también en la niña denisovana de Altái, Denísova 3, lo que sugiere que debe de ser anterior a la separación de las distintas poblaciones denisovanas en Asia oriental y posterior a la separación de los neandertales, puesto que los genomas neandertales de la cueva de Denísova no la tienen.

Un estudio reciente del ADN de personas de la Oceanía Cercana reveló varias supresiones estructurales importantes en genes fundamentales para la detección de virus y el desencadenamiento de respuestas inmunes antivirales. [18] Cada vez más, empieza a percibirse que estas diferencias genéticas serán de capital importancia para la medicina moderna. Por una parte, este conocimiento nos permite saber más sobre cómo diferentes grupos han desarrollado la capacidad para combatir las enfermedades, y por otra nos ayudará en el futuro a proporcionar asistencia médica específica a las personas en función de sus procedencias.

La introgresión de ADN denisovano podría explicar también cómo los tibetanos se han adaptado a la vida a grandes altitudes, donde hay el 40 por ciento menos de aire que al nivel del mar. Algunas de estas adaptaciones se manifiestan en los recién nacidos, que de promedio pesan menos que los recién nacidos de altitudes inferiores. Por cada 1000 m de incremento de altitud, el peso se reduce un promedio de 100 g. También presentan niveles más bajos de hemoglobina en sangre, [19 - 20] con mayor saturación de oxígeno arterial en el momento de nacer y los primeros años de la vida que los niños chinos hanes que viven a igual altitud. [21] Se cree que estos índices son una respuesta a la hipoxia, [22] trastorno que se produce cuando una parte del cuerpo no recibe oxígeno suficiente para su adecuado funcionamiento. Esto indica que probablemente se haya producido una selección en los genes de los tibetanos que les permiten soportar mejor las grandes altitudes.

El gen decisivo en este caso se denomina *EPAS1*. Todas las poblaciones humanas portan *EPAS1*, pero en el caso de los tibetanos el gen presenta una variante específica que produce una proteína que proporciona al portador una respuesta a la hipoxia y la capacidad para vivir con más comodidad a gran altitud. [23]

Para indagar en los aspectos genéticos de esta adaptación un equipo secuenció los exomas de un grupo de aldeanos tibetanos. [24] Centrándose en la sección específica del gen *EPAS1*, descubrieron que los SNP de la versión tibetana del gen mostraban un patrón diferente cuando se comparaban con un grupo de chinos han y un grupo de daneses, ambos, como es natural, habituados a un aire mucho menos enrarecido.

Pero ¿cómo obtuvieron los tibetanos esta variante de gen en particular? ¿Fue el resultado de una mutación o provino de algún otro lugar? La estrecha similitud genética entre hanes y tibetanos dificultaba mucho la resolución del problema. Pese a la cercana relación genética entre ambos, el *EPAS1* tiene el 78 por ciento de diferencia en su manifestación entre tibetanos y chinos hanes, de ahí su importancia para las poblaciones que viven a grandes altitudes. A pesar de la selección evidentemente fuerte del gen, resultó imposible distinguir la vía por la que había llegado a ser tan dominante en los genomas tibetanos.

El equipo investigó los datos del Proyecto 1000 Genomas para ver si la secuencia de genes de los tibetanos pudiera proceder de otra población humana; pero, excepto en dos

personas chinas, no halló nada parecido a la versión tibetana del gen *EPAS1* en todo el conjunto de datos; algo extraño, porque los chinos han están muy emparentados genéticamente con los tibetanos.

Después lo contrastaron con el genoma neandertal de alta cobertura. Allí tampoco había nada.

Solo quedaba en el mundo un genoma humano con el que contrastar: el genoma denisovano.

Y, de repente, helo aquí: en el genoma de alta cobertura de la niña Denísova 3… un conjunto idéntico de haplotipos. [25]

El ADN había llegado hasta los tibetanos desde los denisovanos. De inmediato, todo cobraba sentido. [26]

Como con otros humanos modernos, la hibridación con denisovanos introdujo ADN —incluida la sección que rodeaba al gen *EPAS1*— en algún punto de Asia oriental. El genoma del Hombre de Tianyuan nos demostró que eso sucedió, probablemente, algún tiempo antes de que este viviera (recuérdese que fue datado hace 40 000 años). Los chinos hanes y los tibetanos comparten niveles muy similares de ADN denisovano (0,4 por ciento), lo que indica la alta probabilidad de que la introgresión procedente de los denisovanos se produjera en su población *ancestral*, y no después y exclusivamente en los tibetanos. Cuando los descendientes de aquellos humanos modernos comenzaron a asentarse en la meseta tibetana, la variante *EPAS1* empezó a extenderse por la población porque era sumamente ventajosa. He aquí otro feliz ejemplo de la llamada «introgresión adaptativa», [27] cuan-

do las poblaciones se benefician de ADN ventajoso introgresionado.

Curiosamente, observamos el mismo patrón en los animales de la región (todos con *EPAS1*). El mastín tibetano, por ejemplo, debe su capacidad para sobrevivir a grandes altitudes en la meseta tibetana a una introgresión proveniente de lobos grises que ya vivían allí. [28] El ganado bovino tibetano obtuvo un gen relacionado con la hipoxia, que le ayuda a soportar la altitud, del cruzamiento con yaks autóctonos, que les proporcionan poco más del 1,2 por ciento de su genoma. [29] Da la impresión de que todos los animales entran en el juego de sacar provecho de una adaptación previa mediante la mezcla genética. Los humanos no son una excepción.

El descubrimiento de *EPAS1* en los tibetanos me recuerda de inmediato la mandíbula denisovana de la cueva kárstica de Baishiya en Xiahe de la que tratamos en el capítulo 6. Uno siente la tentación de preguntarse si los denisovanos que vivían en la meseta tibetana pudieron haberse cruzado allí con humanos, y si tal vez fue allí donde apareció por primera vez esa variante ventajosa. Ahora sabemos que los humanos modernos llevan viviendo en la meseta tibetana desde hace 40 000 años, a la luz de nuevas evidencias procedentes de un yacimiento arqueológico llamado Nwya Devu, [30] situado a 4600 m sobre el nivel del mar y en el interior de la meseta tibetana. Esto quiere decir que los humanos están aquí por lo menos desde aquella época, y quizá incluso antes. Igual que ocurrió con los mastines y el ganado, quizá la meseta tibetana fue el lugar donde esta beneficiosa variante genética se introdujo en las poblaciones humanas modernas.

La introgresión denisovana nos puede ayudar también a explicar ciertos aspectos de la forma de vida y la adaptación de los inuits de Groenlandia. Para estudiar los genes vinculados a la adaptación a la vida en las condiciones extremas del Ártico, los investigadores analizaron los genomas de groenlandeses para encontrar genes con altos niveles de selección positiva en aquella población. De los inuits estudiados, una de las señales más positivamente seleccionadas constaba de dos genes llamados *WARS2* y *TBX15*, que se asocian a las grasas corporales y su distribución por el organismo, [31] y en particular a la llamada «grasa marrón» común en los recién nacidos, a los que permite generar calor corporal quemando calorías. El *TBX15* influye en la reacción del cuerpo a las condiciones climáticas frías, y no es extraño encontrarlo seleccionado positivamente en un medio como Groenlandia. Casi el cien por ciento de los inuits poseen estas variantes genéticas comparados con otras poblaciones. (Curiosamente, estos genes son altamente «pleiotrópicos», lo que significa que se hallan asociados a otros tipos de características, como la forma de las orejas, la estatura, la pigmentación del pelo, la morfología facial y la distribución de la grasa.) Las secuencias de los inuits groenlandeses son las más estrechamente relacionadas con las del genoma de alta cobertura de la niña Denísova 3, lo que induce a pensar que fue en su población donde dichas secuencias se originaron y desde donde se introgresionaron.

Hemos obtenido abundantes conocimientos de los estudios que investigan los genomas de personas modernas. Hemos visto que la hibridación ha introducido variantes genéti-

cas que resultaron ventajosas para las personas en determinados medios, y que, por tanto, se hallan presentes con alta frecuencia en estas poblaciones. Hemos visto también que otras variantes genéticas aportadas por los neandertales han dejado en determinadas personas una mayor propensión a enfermedades como las diabetes tipo 2 y el lupus. Está claro, por tanto, que hay aspectos positivos y negativos en nuestro legado de introgresión genética. Lo que de verdad emociona es que esta labor detectivesca con la genética no ha hecho más que empezar. A lo largo de los próximos años cabe esperar muchas más revelaciones sobre la salud moderna y sobre cómo nuestros genes, tanto los derivados como los ancestrales, nos convierten en lo que hoy somos.

Capítulo 16

El mundo antes de nosotros

Nuestro conocimiento del período decisivo de la evolución humana tardía, desde hace unos 200 000 a 50 000 años, ha experimentado una transformación radical en poco más de una década. Las nuevas excavaciones y la aplicación de métodos científicos más avanzados, en particular la genómica antigua, nos han demostrado que el mundo antes de nosotros es mucho más complejo de lo que nunca hubiéramos imaginado. En el 2010 el Proyecto Genoma Neandertal reveló por primera vez que nos habíamos cruzado con los neandertales. [1] Aquel mismo año fue secuenciado el genoma de los denisovanos. Sabemos que este grupo constaba de al menos dos, quizá tres, poblaciones diferentes que parecen haberse extendido ampliamente por Asia oriental y el archipiélago malayo. Igual que nuestros antepasados, por tanto, los denisovanos debieron de haber sido capaces de vivir en los diversos medios y climas de un vastísimo territorio. Nos queda mucho por aprender sobre los detalles específicos de cómo sobrevivieron: qué tecnología empleaban, qué útiles líticos fabricaban y cómo se desenvolvían en sus vidas cotidianas. El mejor registro del que disponemos hasta ahora es la

cueva de Denísova, donde estuvieron presentes los denisovanos desde hace unos 200 000 años. La evidencia arqueológica indica que vivieron de manera muy parecida a otros humanos del Paleolítico. Existen indicios, sin embargo, de que en las postrimerías de su historia pudieron haber fabricado los ornamentos y artefactos que, según deducen los arqueólogos, representan una complejidad conductual: unas características que durante muchas décadas se asociaron exclusivamente a nuestra especie. El descubrimiento de otros posibles yacimientos denisovanos, como la cueva kárstica de Baishiya, suscita la posibilidad de que en los próximos años se avance significativamente en el conocimiento de su legado arqueológico. Los yacimientos arqueológicos de China también podrían sacar a la luz nuevos restos denisovanos que proporcionen un caudal de datos valiosos sobre su capacidad adaptativa. En el momento actual, sabemos mucho más sobre los denisovanos por su genética que por la arqueología. Como hemos visto, solo hay cinco especímenes denisovanos procedentes de la cueva de Denísova, que junto con la mandíbula de Xiahe hacen un total de seis, aunque cabe la sugestiva posibilidad de que existan otros que por el momento carecen de confirmación genética.

Aparte de nosotros *(Homo sapiens)*, los denisovanos y los neandertales, hemos conocido en estas páginas a otros parientes humanos recién descubiertos: los *hobbits* de Flores, el *Homo luzonensis* de la isla de Luzón y el *Homo erectus*, que posiblemente sobrevivieron hasta hace 50 000 años en el archipiélago malayo. En África, entra en lo posible que otros humanos coincidieran también con los primeros registros de

Homo sapiens. Conocimos brevemente al *Homo naledi* y al *Homo heidelbergensis* en el capítulo 1, ambos con dataciones en África que abarcan los últimos 200 000 años: en tiempo arqueológico, como si fuera ayer. [2] Las «poblaciones fantasma» genéticas de África y Eurasia dejan entrever la posibilidad de que aparezcan más humanos hasta ahora desconocidos.

Los humanos siempre nos hemos creído únicos; pero resulta que en tiempo evolutivo esta singularidad no existió hasta ayer.

La evidencia demuestra que estos diversos grupos de humanos se cruzaban con frecuencia cuando se encontraban, lo que plantea preguntas sobre cuál debería ser nuestra definición taxonómica. De aquí se derivan implicaciones de calado sobre nuestro concepto tradicional de «especie», y sobre lo que es una especie. Con respecto al género *Homo*, está claro que requiere ser enjuiciado con ojos nuevos, habida cuenta de todos los cambios a los que hemos asistido en los últimos años. Se creía que la especiación se producía cuando dos poblaciones no son capaces de producir descendencia fértil. Desde que Linneo alumbró la ciencia de la taxonomía, nos hemos acostumbrado a contemplar las especies como entes separados y susceptibles de ser encasillados en categorías estancas. Pero no ocurre así: las fronteras son difusas para la mayoría de las especies. Desde coyotes, lobos y osos de todas clases hasta ratones, ranas, pinzones, titís y otras criaturas, no para de crecer la lista de especies que se hibridan con regularidad.

Los babuinos constituyen un ejemplo de primates que presentan un sugestivo paralelismo con el género *Homo*. Igual que el *Homo*, los babuinos empezaron a propagarse por diferentes regiones de África desde hace unos dos millones de años. [3] Actualmente, se conocen seis especies diferentes cuyas áreas de campeo incluyen inmensas extensiones de la zona ecuatorial central, el sur de África y partes del África oriental, entre otros territorios. Varias especies tienen áreas de campeo que se hallan próximas o coinciden con las de otros grupos. Estas especies de babuinos parecen físicamente muy distintas unas de otras y, dentro de sus propias áreas de campeo, bastante homogéneas; pero un examen más detenido de su genética revela una complejidad inesperada. Existen evidencias claras de intercambio genético entre algunas especies, especialmente acusadas en las llamadas «zonas híbridas», que se sitúan en los límites de las áreas de campeo de los diferentes grupos. Hay asimismo evidencia de intercambio genético con especies extintas y con otros primates vivos (por ejemplo, con los kipunjis, unos monos de las tierras altas de Tanzania). [4] Igual que en nosotros, también en los babuinos se encuentra evidencia de la introgresión de ADN procedente de los denominados linajes fantasma.

Los babuinos de zonas híbridas —y esto es interesante porque nos atañe— presentan unas típicas anomalías morfológicas que son resultado de este proceso de hibridación. En algunos casos se produce un incremento de tamaño. A este fenómeno lo denominamos «vigor híbrido» (heterosis), y suele darse en animales que se han cruzado con miembros de otras especies. Los ligres, por ejemplo, vástagos estériles

de león y tigre, son mucho más grandes que sus progenitores de una y otra especie. Los híbridos se caracterizan a menudo por sus caras y cuerpos más grandes, y por anomalías dentales. [5] [6]

Es interesante a este respecto regresar al capítulo 6 y al diente Denísova 4, un diente de tamaño comparable a los de homininos muy anteriores, lo que resulta extraño. ¿Es esto una señal reveladora de una posible hibridación reciente? Parecía curioso que este diente denisovano pudiera ser tan diferente y de tamaño tan superior al de un diente neandertal, cuando es sabido que compartieron un antepasado común hace unos 500 000 años. [7] ¿Podría la hibridación explicar también el peculiar mosaico de características señaladas en el capítulo 6 que vimos en China en los restos humanos excavados en los yacimientos de Xuchang y Xujiayao? ¿Reflejan estos especímenes flujo genético o hibridación reciente?

La hibridación puede desempeñar también un papel en la aparición de nuevas especies. La variación es la sala de máquinas de la selección, y la variación resultante de la hibridación puede acelerar el proceso evolutivo. Recuerdo la curiosa morfología del *Homo floresiensis*, cuyos dientes parecían únicos y, por tanto, difíciles de correlacionar con ningún resto del registro fósil de *Homo*. [8] En el capítulo 11 vimos cómo la controversia se centró en si el *hobbit* es un *Homo erectus* empequeñecido o un *Homo habilis* algo menos empequeñecido. Una alternativa podría ser que procediera de alguna clase de hibridación, por ejemplo, entre un *Homo erectus* y otro hominino, quizá un denisovano. [9] (Cabría otra posibilidad: que los

hobbits y *Homo luzonensis* sean, en realidad, denisovanos empequeñecidos.)

Llevo mucho tiempo preguntándome si la cueva de Denísova y la región de Altái pudieran ser una zona híbrida. Si consideramos a los neandertales como predominantemente euroasiáticos occidentales y a los denisovanos como sus equivalentes orientales, entonces la región de Altái cae en medio, lo que recuerda no poco a la localización de las zonas híbridas que vemos entre los diferentes grupos de babuinos en África. Existe evidencia de que los neandertales debieron de haberse desplazado hasta el Altái desde el occidente de Eurasia en más de una ocasión; de hecho, da la impresión de que allí habitaron al menos dos grupos diferentes de neandertales hace 120 000 y 70 000 años. [10] Nuestro trabajo con ZooMS y los análisis recientes de ADN en huesos y sedimentos demuestran que neandertales y denisovanos se alternaron en la cueva varias veces. Nuevas evidencias revelan que se produjo con regularidad introgresión genética entre las dos poblaciones. [11] Denny es raro por tratarse de un híbrido de primera generación, pero cada genoma antiguo de la cueva de Denísova presenta un cierto grado de mezcla. Nuestro linaje es el mismo. Los antiguos modelos de evolución humana que consisten en el aislamiento y la divergencia tienen que ser reemplazados por otros que incluyan flujo genético, introgresión genética y mezcla. El árbol ramoso de la evolución humana debería sustituirse por un río de anchos brazos, cuyos afluentes vierten y desaguan con frecuencia unos en otros.

Señalamos en el capítulo 2 que, cuando se cruzan especies diferentes, surgen a veces problemas de esterilidad en la descendencia. Vimos que hay tramos del genoma humano sin ningún ADN neandertal, y que ocurre algo similar en híbridos con problemas reproductivos. Trabajos recientes han arrojado nueva luz sobre esta cuestión. Un equipo de Oxford comparó las secuencias de ADN mitocondrial y nuclear de diversas parejas hibridizantes de mamíferos cuyos vástagos poseen un rango de fertilidad que abarca desde los estériles hasta los perfectamente fértiles. [12] Los investigadores se centraron en el gen citocromo b (CYTB) y midieron la distancia genética entre parejas de animales y su capacidad para reproducirse. Los resultados confirmaron la existencia de umbrales ajustados en los valores de divergencia, lo cual implicaba que podían usarse estos valores para predecir los niveles de fertilidad. Se pudo demostrar que la fertilidad no se habría reducido entre humanos, neandertales, denisovanos o incluso especies más antiguas de nuestro género como el *Homo heidelbergensis*. En otras palabras, lo normal es que se hubiera producido un cruzamiento exitoso entre estos grupos incluso sin la rotunda evidencia que proporciona el ADN nuclear.

Como hemos visto a lo largo de este libro, el cruzamiento y la introgresión genética nos han reportado diversos beneficios. Nuestro éxito en términos evolutivos se ha intensificado considerablemente por nuestra tendencia a la hibridación.

Creo que esta naturaleza hibridizante puede extenderse por analogía a determinados aspectos del comportamiento y la cultura humanos. Como vimos en el capítulo 2, la idea de

que exclusivamente los *Homo sapiens* son modernos y poseedores de «modernidad conductual» ha dado un vuelco en los últimos años a la luz de la contundente evidencia de que los neandertales (y quizá también los denisovanos) parecen haber tenido habilidades y comportamientos similares. En este sentido, no se produjo una súbita «revolución humana» de la que los humanos modernos fueran responsables únicos, o, si se produjo, fue una revolución a la que también contribuyeron otros grupos humanos. La evidencia procedente de África prueba que el desarrollo de comportamientos más complejos y la adopción de nuevas tecnologías se produjeron allí antes que en Europa y Eurasia, y fueron más un proceso prolongado que un repentino estallido revolucionario. [13] Los neandertales de Europa parecen haber seguido una trayectoria evolutiva similar.

Me pregunto si pudieron generarse ideas e innovaciones a través de los contactos mantenidos hace 50 000 años, cuando se encontraron neandertales, denisovanos y humanos modernos (y otros). Imagínese el lector las oportunidades que brindaba el conocer a un grupo completamente nuevo de personas que hacía las cosas de manera un poquito distinta, con más creatividad y quizá mejor que el grupo propio. A los humanos les encanta copiar e imitar. Así lo vemos en períodos arqueológicos más recientes, cuando el establecimiento de nuevos lazos comerciales introduce productos exóticos que son después copiados y fabricados por los autóctonos, a veces con materiales distintos. La oportunidad de aprender algo nuevo, de hacer más tolerables los rigores de la vida en la Edad de Piedra, de cobrar piezas de caza sin tanta dificul-

tad o de adornarse el cuerpo de manera distinta, debió de resultar muy atractiva. El período, o períodos, de contacto entre diferentes grupos registró acaso un intercambio de ideas e innovaciones impulsadas por esta benéfica colisión de mundos. [14] Quizá la explosión de creatividad que vemos en el Paleolítico Superior Temprano fue el resultado. La hibridación que se produjo fue tanto cultural como biológica y, en consecuencia, reportó a nuestros antepasados ventajas tanto culturales como biológicas.

También hemos visto que la idea de un solo grupo de triunfantes humanos modernos extendiéndose desde África y reemplazando a todos los demás grupos resulta improbable. En última instancia es verdad que así ocurrió —somos los únicos humanos que quedan en el planeta, al fin y al cabo—, pero parece que todo ese proceso fue mucho más imperceptible y prolongado. Ahora sabemos que hubo largos períodos de coincidencia entre nosotros y los neandertales en Europa, y probablemente también con los denisovanos en otras regiones, a juzgar por la evidencia genética más reciente obtenida en Nueva Guinea. Es probable que este solapamiento no fuera espacial en el sentido de comunidades que convivían; la evidencia del ADN rechaza esta posibilidad. Me parece que la interpretación más sencilla de la evidencia acumulada hasta ahora apunta a un mosaico de grupos humanos geográficamente separados, pero con encuentros y cruzamientos ocasionales.

Quizá nuevos trabajos demuestren que esto es una simplificación y que a veces grupos humanos diferentes habitaron juntos en cuevas y otros parajes. ¿Y por qué no? Uno de los

aspectos más estimulantes de las nuevas investigaciones con ADN de sedimentos que abordamos en el capítulo 10 es que esta herramienta podría muy bien revelar este tipo de comportamiento mediante la recuperación de vestigios de ADN en los detritos de sedimentos arqueológicos. Me pregunto si hubo épocas, hace miles de años, en que personas de grupos diferentes coincidieron en el mismo lugar y pasaron parte de un verano en estrecha proximidad antes de tomar caminos separados y trasladarse a otras tierras. Fue quizá durante uno de estos períodos cuando un macho o una hembra de un grupo decidió emparejarse con alguien de un grupo distinto, dejar a los suyos y partir con los otros. Acaso esto fue lo que ocurrió con uno de los progenitores de Denny hace 120 000 años en el macizo de Altái.

Es posible, no obstante, que estos intercambios de parejas entre grupos fueran muy esporádicos. Sabemos por la evidencia genética del reducido tamaño de las poblaciones y grupos de los neandertales, y quizá también de los denisovanos, en ciertas épocas y lugares. Creo asimismo que esta falta de diversidad genética y las escasas relaciones con otros grupos pudieron desempeñar un papel en la desaparición de estos grupos, como vimos en el capítulo 14.

No es menos evidente en la historia de la evolución humana el impacto de las drásticas variaciones y cambios del clima. Si a lo largo de nuestra propia vida podemos ser testigos de desastres climáticos, con más facilidad podemos imaginar los efectos catastróficos de algunas de las oscilaciones climáticas de los últimos 150 000 años sobre pequeños grupos de humanos dispersos por las inmensas extensiones de Eurasia.

Un invierno particularmente crudo, un golpe de mala suerte, bastarían para poner en grave peligro a poblaciones pequeñas y aisladas. La muerte del miembro de un grupo con experiencia adquirida conlleva la muerte de ideas y tradiciones que posiblemente haya que reinventar. En el mundo moderno observamos que la creatividad es más común en los lugares con mayor densidad de población. En mundos frágiles y con pocas personas, las ideas y conocimientos son mercancías valiosísimas que pueden desaparecer en un instante.

Por último, en razón de lo visto me parece que la suerte desempeñó también su papel en la historia de nuestros primeros antepasados humanos. De haber concurrido otras circunstancias biológicas o ambientales, creo que en vez de nosotros muy bien podría haber sido una población denisovana o neandertal la que sobreviviera y se dispersara por el resto del mundo conocido, como la especie invasora en que al cabo nos convertimos. El hecho de que los neandertales permanecieran en el planeta durante más de 250 000 años demuestra que fueron un experimento bien adaptado y exitoso en la historia evolutiva. Nos constan evidencias de que fueron capaces, como nosotros, de grandes dispersiones y desplazamientos, desde Europa occidental hasta el macizo de Altái. Quizá descubramos que los denisovanos, y aun otros grupos, tuvieron más éxito; pero al final también desaparecieron. El linaje humano pasó por cuellos de botella en los que nuestra diversidad genética y nuestra población disminuyeron hasta niveles peligrosos. De no ser por momentos de suerte, podríamos fácilmente haber acompañado a esos otros grupos por la senda de la extinción.

Cuando hablamos de vivir y morir, de triunfar y fracasar, debemos siempre recordar, sin embargo, que estos primos humanos nuestros no se perdieron por completo. Viven en nosotros en partes diferentes y ahora fragmentadas de nuestro ADN; están dentro de nosotros y forman parte de nosotros. Es una idea hermosa. Más del 20 por ciento del genoma neandertal puede recuperarse de poblaciones humanas modernas, quizá un porcentaje mayor. [15] Pronto averiguaremos cuánto del genoma denisovano se nos puede extraer para unirlo de nuevo, y conoceremos cada vez más lo que hemos heredado y lo que no. La extraordinaria revelación de que hemos recibido de estos primos perdidos vestigios mínimos de una codificación genética sin la cual no podríamos vivir en las altitudes del Tíbet, o en el frío de Groenlandia, o resistir a las enfermedades en Melanesia, o habernos adaptado con tanta facilidad a medios naturales nuevos fuera de África, de donde procedemos, representa, sin duda, una de las máximas contribuciones de la genética antigua al conocimiento de nuestra condición humana actual. El éxito de nuestra especie y la desbordante diversidad del género humano se deben en parte a esos valiosos regalos genéticos. No somos humanos sin más, sino la suma de todos los brazos de aquel río entrelazado que se tocaron y se separaron en nuestro camino hasta el presente.

Hemos aprendido mucho en la década pasada, pero queda mucho más por descubrir y muchas preguntas aún sin responder. Con nuevas excavaciones y la aplicación de métodos científicos más avanzados, sin duda, se ensancharán nuestros conocimientos sobre denisovanos, neandertales, *hobbits*,

Homo luzonensis, *Homo erectus* y quizá otros grupos humanos todavía por descubrir.

Si la década pasada nos sirve como vara de medir, nos aguarda un viaje emocionante.

Agradecimientos

Son muchas las personas que me han ayudado mientras escribía este libro, y quiero expresarles mi más profundo agradecimiento por sus recomendaciones, su apoyo y su saber.

En primer lugar, me siento en deuda con mi agente Joanna Swainson de Hardman & Swainson por su orientación, sus comentarios y su apoyo. También quiero dar las gracias a todo el equipo de la agencia, y en particular a Thérèse Cohen.

Connor Brown y Daniel Crewe de Viking/Penguin Random House han sido unos editores y asesores extraordinarios, y se lo agradezco muy sinceramente. Le estoy muy agradecido a Trevor Horwood por su inteligente y cuidadosa corrección del texto.

Quisiera expresar mi reconocimiento a varios colegas por su comentarios y sugerencias sobre algunas partes del texto: Michael Shunkov, Anatoli Derevianko, David Reich, Thomas Sutikna, Johannes Krause, Janet Kelso, Iain Davidson, Matthias Meyer, Elizabeth Veatch, Simon Hillson, Bence Viola, Dongju Zhang, Henry Gee, Samantha Brown, Jesse Dabney, Xinjun Zhang, Chun-Hsiang Chang, Murray Cox, Peter Brown, Jacques Jaubert, Nathan Zammit, Shane Grey, Paige Madison, Stefano Benazzi, Peter Ditchfield, Charles Higham y Katerina Douka. A todos les estoy muy agradecido, al tiem-

po que quiero señalar que cualquier error que haya quedado es responsabilidad exclusiva mía.

Doy las gracias a todos los colegas y amigos que trabajan con tanto denuedo en el campo y el laboratorio para extraer la evidencia arqueológica que forma la base de los datos, y a los cientos de estudiantes y trabajadores de los yacimientos, año tras año.

Quiero hacer mención especial de algunos de mis colaboradores más importantes, reconociendo al tiempo que seguramente habré dejado a algunas personas fuera. Pido excusas por cualquier omisión.

Doy las gracias a todo el equipo de amigos y colegas de la cueva de Denísova y de todo el Altái, y en particular a Anatoli Derevianko y a Michael Shunkov por su colaboración, amistad y apoyo. Es un enorme privilegio ser miembro del equipo de Denísova. También quiero expresar mi agradecimiento a otras personas del Instituto de Arqueología y Etnografía, la Academia Rusa de Ciencias, la Sección Siberiana de Novosibirsk y, en particular, a Andréi Krivoshapkin, Kseniya Kolobova, Maxim Kozlikin, Alexander Agadzhanian, Evgeny Rybin y Natalia Belousova. Sin Vladímir Vaneev y Elena Pankeeva, el trabajo en el Altái habría sido mucho más difícil. Le estoy agradecido a Serguéi Zelinski por su fotografía y su amistad.

En el Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva de Leipzig estoy en deuda con Svante Pääbo y su talentoso equipo de investigadores y estudiantes, particularmente con Matthias Meyer, Janet Kelso, Viviane Slon, Kay Prüfer, Mate-

ja Hajdinjak, Ben Vernot, Fabrizio Mafessoni, Diyendo Massilani y otros muchos.

Bert Roberts y Zenobia Jacobs (y su equipo de la Universidad de Wollongong) fueron colaboradores estupendos y generosos en el trabajo cronométrico en Denísova.

Doy las gracias a Ludovic Slimak y a Laure Metz y a su equipo en la Grotte Mandrin, y en especial a Clément Zanolli, que trabajó en los importantísimos restos dentales del yacimiento. Estoy agradecido a Lludmila Lbova y su equipo por colaborar con nosotros en el trabajo con sedimentos en los yacimientos de Khotyk, Varvarina Gora y Kamenka.

Doy mis más expresivas gracias a João Teixeira, David Reich y Chris Turney por el permiso para discutir los datos antes de su publicación.

Agradezco profundamente al Consejo Europeo de Investigación, el Consejo de Investigación del Medio Ambiente Natural, el Leverhulme Trust, el Keble College de Oxford y el John Fell Fund (Oxford) su apoyo financiero a mis investigaciones.

Quiero transmitir mi agradecimiento a todo el equipo de PalaeoChron: Katerina Douka, Thibaut Devièse, Marine Frouin, Christopher Bronk Ramsey, Dan Comeskey, Jean-Luc Schwenninger, Rachel Hopkins, Samantha Brown, Lorena Becerra Valdivia, Eileen Jacob, Natasha Reynolds, Aditi Dave, Michael Buckley, Monty Ochocki, Maria Emanuela Oddo, James McCullagh, Alexander Benn, Ségolène Vandevelde, Christa Wathen y Cara Kubiak, así como a Rachel Wood. Una gran parte de los trabajos descritos en este libro se hizo

en colaboración con ellos, y por ellos, y siempre en equipo. Quiero dar las gracias en particular a Samantha Brown por los ratos fabulosos que pasamos trabajando con Denny.

Sin el fallecido Roger Jacobi del Museo Británico y el Museo de Historia Natural probablemente yo no habría terminado trabajando en el Paleolítico. Su entusiasmo y su necesidad de resolver problemas complejos me entusiasmaron a mí también.

Le estoy agradecido a todo el equipo de la Unidad del Acelerador de Radiocarbono de Oxford, el pasado y el presente, por su esmerado trabajo de laboratorio, buen humor y profesionalidad. Me considero afortunado por trabajar en el Laboratorio de Investigación de Arqueología e Historia del Arte (RLAHA) de la Escuela de Arqueología de Oxford, y doy las gracias a todos mis colegas y alumnos de allí, pasados y presentes, por las charlas a la hora del café, por compartir ideas, seminarios y discusiones, y por el tiempo que me han dado a lo largo de los años. Es un privilegio trabajar en un ambiente tan estimulante.

El profesor Greger Larson del RLAHA ha sido un amigo constante y una fuente de aliento. Doy gracias de que existan almas generosas como él y Frances Larson para hacer divertida la ciencia.

Doy las gracias a todos mis amigos y colegas del Keble College Oxford, y en particular a sir Larry Siedentop por sus consejos y su profundo interés por todo lo humano, y a sir Jonathan Phillips y *madame* Averil Cameron por su apoyo y orientación.

Sin el Allan Wilson Centre de Nueva Zelanda, y su invitación para dar conferencias por todo el país en el 2015, creo que no habría escrito este libro, y por eso doy las gracias a todos los neozelandeses que acudieron a las charlas, hicieron preguntas y, lo más importante de todo, me pidieron que les recomendara un libro sobre los denisovanos (mi respuesta fue: «¡Lo siento, pero no hay ninguno!»). A este respecto doy las gracias a Wendy Newport-Smith y Glenda Lewis por su organización y la ayuda prestada en aquel viaje.

El amor y el apoyo de mi extensa familia han sido sumamente importantes para mí. Quisiera dar las gracias a mi padre, el profesor Charles Higham, y a mi madre, Polly Higham, a mi hermano James, a mis hermanas Emma y Caroline, y a la familia Higham en conjunto en Nueva Zelanda y más lejos todavía. A mis hijastros Sian Hodgson y Rosie Thomson les quiero agradecer su cariño y apoyo. Mis hijos Joe, Miriam, Angelo y Elektra soportaron largas horas de trabajo y las frecuentes ausencias de su padre.

Por último, las palabras no alcanzan para dar gracias a la doctora Katerina Douka. Es mi mujer, colaboradora, amiga y consejera, y sin su apoyo, críticas, comentarios, ideas y paciencia este libro nunca habría visto la luz. Ευχαριστω΄ κατερι΄να μου.

Créditos fotográficos

FIGURAS

Las figuras 1, 2, 5, 7, 8, 10, 12, 13, 15, 17, 18, 23, 26, 31, 32, 33 y 35 son dibujos del autor. Utilicé D-Maps (<https://d-maps.com/>) para confeccionar los mapas que aparecen en este libro. Figura 3: Philipp Gunz, MPI-EVA Leipzig. La figura 4 es una adaptación de A. Kruger, P. Randolph-Quinney y M. Elliott (2016). «Multimodal Spatial Mapping and Visualisation of Dinaledi Chamber and Rising Star Cave». *South African Journal of Science* 112, n.º 5-6. Figuras 6, 11, 16, 19, 20: fotografías del autor. Figura 9: Sección Siberiana, Academia Rusa de Ciencias. La figura 14 es un dibujo del autor a partir de David Reich, comunicación personal. Las figuras 21, 22, 25 y 29 son dibujos de Katerina Douka, MPI-SHH (Jena). La figura 24 es un dibujo del autor tomado de Belfer-Cohen y Goring-Morris (2017). Figura 27: fotografía de Samantha Brown. La figura 28 está redibujada a partir de Racimo *et al.* (2015). Figura 30: fotografía de Iain Cartwright. La figura 34 aparece por gentileza de Peter Brown. La figura 36 es un dibujo del autor a partir de Fu *et al.* (2015). Figura 37: fotografía reproducida con permiso de A. Ronchitelli, Siena.

LÁMINAS

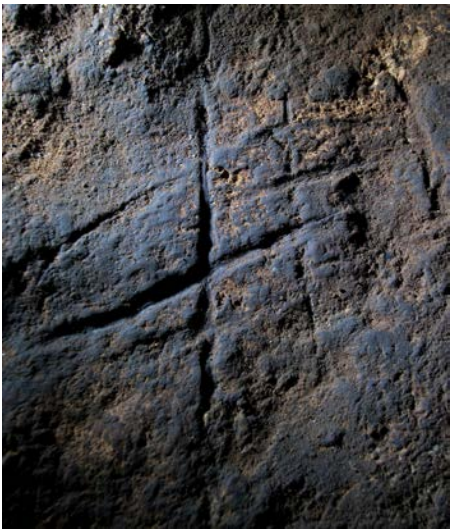
Láminas 1, 2, 7, 17, 18, 19: T. Higham, Universidad de Oxford. Láminas 3, 13, 14, 16: Sección Siberiana, Academia Rusa de Ciencias, Novosibirsk. Lámina 4: Marco Peresani, Universidad de Ferrara. Lámina 5: S. Finlayson, Museo Nacional de Gibraltar, Gibraltar. Lámina 6: Dirk Hoffman, Universidad de Gotinga. Láminas 8, 10, 12, 21: Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva, Leipzig. Lámina 9: Frank Vinken para la Sociedad Max Planck. Lámina 11: Maayan Harel. Lámina 15: fotografía de Hilde Jensen; *copyright,* Universidad de Tubinga. Lámina 20 *(arriba* e *izquierda)*: Liang Bua Team. Lámina 20 *(derecha)*: Peter Schouten/National Geographic Society/Universidad de Wollongong. Lámina 22: Dongju Zhang, Universidad de Lanzhou. Lámina: fotografía de É. Fabre, SSAC; © Cueva de Bruniquel.

1. Vista del valle del río Anui y los edificios del campamento base de la cueva de Denísova, en el Altái siberiano. La cueva queda en el extremo derecho de la imagen, oculta en el lecho del valle al pie de las montañas.

2. Entrada de la cueva de Denísova. En su interior asombra pensar que fue aquí donde se produjo el descubrimiento de los denisovanos, un grupo de homininos que realizó aportaciones genéticas y quizá culturales a los humanos modernos. Han pasado decenas de miles de años desde que la especie desapareció de la cueva y del mundo, pero todavía se siente su presencia entre las sombras.

3. El autor (centro) en la cámara este de la cueva de Denísova trabajando con Michael Shunkov y Maxim Kozlikin (delante) y Katerina Douka en la obtención de muestras para datar el yacimiento.

4. Parece ser que los neandertales mostraron un vivo interés por las plumas, especialmente las alares de rapaces grandes, que quizá utilizaban en la ornamentación corporal. En el yacimiento de la Grotta di Fumane (Italia), y en estratos neandertales de hace unos 44 000 años, los arqueólogos encontraron muchos huesos alares de rapaces como halcones y quebrantahuesos, así como de chovas piquigualdas y palomas torcaces. La recreación de arriba se basa en estos trabajos.



5. Este enigmático «hashtag» apareció tallado en la roca de la cueva de Gorham, en Gibraltar. La evidencia arqueológica apoya la teoría de que fue obra de neandertales.

6. ¿Arte neandertal? Este símbolo escalariforme rojo de la cueva de La Pasiega (Cantabria) data de hace más de 64 800 años, un período en el que sabemos que los humanos modernos no se hallaban presentes en esta parte de Europa.

7. El autor observa al «Viejo» de la Chapelle-aux-Saints en el sótano del Musée de l'Homme de París. La reconstrucción de este esqueleto en la década de 1910 generalizó la impresión de que los neandertales eran salvajes, chaparros y primitivos. En realidad, este individuo de unos 40-45 años con deficiente higiene dental y una enfermedad degenerativa en las articulaciones recibió probablemente los cuidados de algún pariente, de igual manera que hoy cuidaríamos a un familiar de más edad.

8. Johannes Krause estaba trabajando en su laboratorio de Leipzig en la secuencia de ADN de un pequeño fragmento óseo procedente del Altái ruso cuando reparó en algo inusual. El ADN provenía de una especie de humanos completamente nueva: los denisovanos. No es de extrañar que aquel fuera para Krause «el día más emocionante de mi vida como científico».

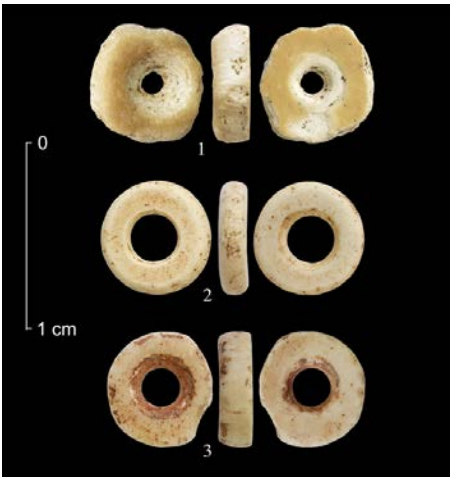
9. Svante Pääbo, del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva de Leipzig (Alemania) y premio Nobel de Medicina y Fisiología en el 2022. Pionero en el estudio del ADN antiguo, Svante dirigió el grupo del Proyecto Genoma Neandertal, que descubrió a los denisovanos en el 2010. Svante sostiene el fémur de Ust'-Ishim, descubierto en Siberia por buscadores de marfil de mamut. El equipo de Svante encontró porciones grandes de ADN neandertal en el genoma del Hombre de Ust'-Ishim que demostraban que sus antepasados se habían cruzado con neandertales unos 55 000 años atrás.

10. Denísova 3, el pequeño fragmento de meñique cuyas secuencias de ADN asombraron al mundo en el 2010.

11. Recreación artística del aspecto probable de la muchacha Denísova 3.

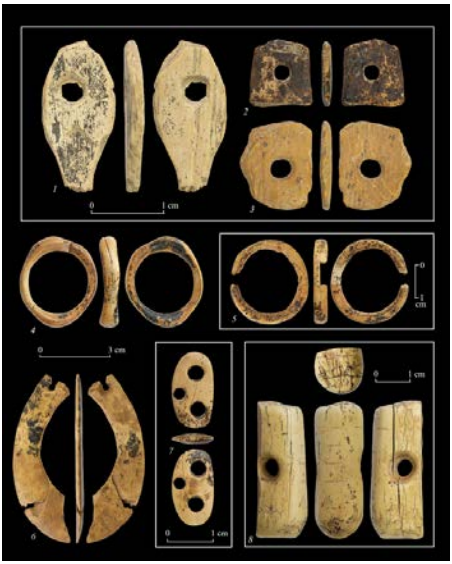
12. Denísova 4, el enorme diente denisovano descubierto en el 2000 en la cámara sur de la cueva de Denísova.

13. Colgantes de dientes de mamífero perforados de la cueva de Denísova.



14. Cuentas de cáscara de huevo de avestruz excavadas en la cueva de Denísova.

15. Flauta paleolítica del yacimiento de Hohle Fels (Alemania), con ~40 000 años de antigüedad. Fue descubierta en el verano del 2008, dividida en doce fragmentos, en el nivel auriñaciense del yacimiento, lo que demuestra que fue obra de Homo sapiens. El instrumento se hizo con el radio o hueso alar de un buitre leonado, un ave cuya envergadura supera los dos metros.

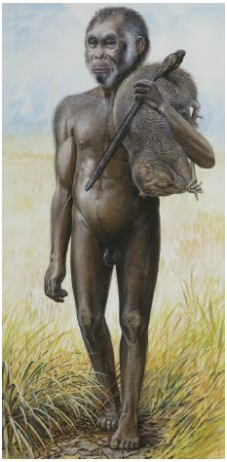


16. Aros, cuentas, placas y un posible botón (abajo dcha.) elaborados con colmillo de mamut y procedentes de los niveles del Paleolítico Inicial y Superior de la cueva de Denísova. ¿Fueron estos y otros ornamentos aquí encontrados obra tanto de denisovanos como de humanos modernos?

17. Denny fue encontrada mediante el uso de ZooMS, un método para detectar huesos humanos basado en la huella digital del colágeno. Este huesecillo de menos de 2,5 cm de largo procedía de un vástago de primera generación de padre denisovano y madre neandertal (aquí se muestra una impresión en 3D del hueso original).

18. La superficie pulida del hueso indica que probablemente pasó por el intestino de una hiena.

19. Sam Brown con una bolsa de fragmentos óseos de la cueva de Denísova para su análisis con ZooMS. Por término medio, uno de cada mil huesos en una bolsa de este tipo resulta ser humano. Denny fue uno de ellos.



20. Cueva de Liang Bua (arriba) en Flores en el 2003. Thomas Sutikna (sobre estas líneas) y Benyamin Tarus trabajan en la excavación del esqueleto de LB1, el hobbit (recreado a la derecha por el artista Peter Schouten). En un principio creyeron que el esqueleto pertenecía a un niño, pero poco después el análisis de la dentadura demostró que todas las piezas habían salido y que algunas estaban desgastadas, señal inequívoca de que LB1 era un adulto, pero un adulto con las proporciones físicas de un hobbit.

21. Mandíbula de Xiahe. Un monje la encontró en 1980 en la cueva de Baishiya y se la entregó al superior de su monasterio para que la guardara en lugar seguro. Casi treinta años después, el análisis proteómico de la pieza demostró su pertenencia a un denisovano. Era el primer hueso denisovano que se encontraba fuera del yacimiento que dio nombre a la especie (repárese en la ausencia de mentón, indicio claro de que no es Homo sapiens).

22. Cueva de Baishiya en la meseta tibetana de China occidental, la cueva sagrada donde apareció la mandíbula denisovana de Xiahe (arriba). Las excavaciones llevadas a cabo hasta hoy en este yacimiento a gran altitud demuestran la presencia de los denisovanos en el lugar desde hace más de 100 000 años hasta quizá hace solo 45 000 años

23. En 1990, después de tres años de excavaciones, un adolescente llamado Bruno Kowalszcweski descubrió en la región francesa de Aveyron una cueva que encerraba algo extraordinario. Hace más de 170 000 años, los neandertales que vivían en las cavernas de Bruniquel construyeron unas extrañas estructuras circulares y utilizaban el fuego; hasta entonces se creía que solo los humanos modernos presentaban comportamientos de este tipo o frecuentaban sistemas cavernarios como este.

Notas

1. Smith, T. M. *et al.*, «Wintertime Stress, Nursing, and Lead Exposure in Neanderthal Children», *Science Advances*, 31/10/2018.

2. La ratio de los isótopos de nitrógeno, 14N y 15N, aumenta con los procesos bioquímicos conforme ascienden por sucesivos niveles tróficos: de las plantas a los herbívoros y de estos a los carnívoros. Los animales con niveles tróficos altos, como los carnívoros, presentan ratios de isótopos elevados en comparación con los herbívoros que consumen. Un infante en el útero tendrá los mismos niveles que su madre, pero después de su nacimiento, cuando consuma leche materna, sus valores se incrementarán de tres a cinco partes por mil, porque es, a todos los efectos, un nivel trófico más alto. Cuando la criatura es destetada, sus valores descienden a un nivel inferior, igual al de su madre si la dieta posterior de ambos es la misma. Midiendo estos isótopos en los huesos y el pelo —en los casos en que se conserva— se puede establecer la fecha del destete. Con el empleo de otras técnicas y materiales como los dientes, es posible alcanzar una gran precisión en estos cálculos. Usando tomografía computarizada de alta resolución, los investigadores pueden calcular la edad exacta de un niño basándose en las líneas diarias de crecimiento. Medir la abundancia de bario y calcio en los dientes puede revelar también cuándo fue destetado. Unos valores elevados revelan el inicio del consumo de leche. Los isótopos de oxígeno, al depender de la temperatura, indican el paso de las estaciones, como veremos en el capítulo 3.

3. *Ibid.*

1. Stringer, C. B. y P. Andrews, «Genetic and Fossil Evidence for the Origin of Modern Humans», *Science*, n.º 239, 1988, pp. 1263-1268.

2. Hajdinjak, M. *et al.*, «Reconstructing the Genetic History of Late Neanderthals», *Nature*, n.º 555, 2018, pp. 652-656.

3. Wolpoff, M. H. *et al.*, «Multiregional Evolution: A World-Wide Source for Modern Human Populations», en Nitecki, M. H. y D. V. Nitecki (eds.), *Origins of Anatomically Modern Humans*, Interdisciplinary Contributions to Archaeology, Springer, Boston, 1994, pp. 175-199.

4. Rebecca Cann, Mark Stoneking y Allan Wilson.

5. Cann, R. L., M. Stoneking y A. C. Wilson, «Mitochondrial DNA and Human Evolution», *Nature*, n.º 325, 1987, pp. 31-36.

6. Henn, B., L. L. Cavalli-Sforza y M. W. Feldman, «The Great Human Expansion», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 109, n.º 44, 2012, pp. 17758-17764.

7. Linz, B. *et al.*, «An African Origin for the Intimate Association Between Humans and *Helicobacter pylori*», *Nature* 445, n.º 7130, 2007, pp. 915-918.

8. El parásito de la malaria *Plasmodium falciparum* presenta el mismo patrón Salida de África que *H. pylori*.

9. Scerri, E. M. L. *et al.*, «Did Our Species Evolve in Subdivided Populations Across Africa, and Why Does It Matter?», *Trends in Ecology & Evolution* 33, n.º 8, 2018, pp. 582-594.

10. Hublin, J.-J. *et al.*, «New Fossils from Jebel Irhoud, Morocco and the Pan-African Origin of *Homo sapiens*», *Nature*, n.º 546, 2017, pp. 289-292.

11. Richter, D., R. Grün, R. Joannes-Boyau *et al.*, «The Age of the Hominin Fossils from Jebel Irhoud, Morocco, and the Origins of the Middle Stone Age», *Nature*, n.º 546, 2017, pp. 293-296.

12. McDougall, I., F. Brown y J. Fleagle, «Stratigraphic Placement and Age of Modern Humans from Kibish, Ethiopia», *Nature*, n.º 433, 2005, pp. 733-736.

13. White, T., B. Asfaw, D. DeGusta *et al.*, «Pleistocene *Homo sapiens* from Middle Awash, Ethiopia», *Nature*, n.º 423, 2003, pp. 742-747.

14. *Ibid.*

15. Scerri *et al.*, 2018.

16. <https://isthmus.com/news/news/anthropology-prof-john-hawks-and-uw-madison-students-dig-up-crucial-remnants-of-early-hominids/>, consultado el 18/04/2022.

17. Berger, L. R. *et al.*, «*Homo naledi*, a New Species of the Genus *Homo* from the Dinaledi Chamber, South Africa», *eLife*, n.º 4, 2015.

18. Dirks, P. H. *et al.*, «The Age of *Homo naledi* and Associated Sediments in the Rising Star Cave, South Africa», *eLife*, n.º 6, 2017, e24231.

19. Durvasula, A. y S. Sankararaman, «Recovering Signals of Ghost Archaic Introgression in African Populations», *Sciences Advances* 6, n.º 7, 2020, eaax5097.

20. Harvati, K. *et al.*, «The Later Stone Age Calvaria from Iwo Eleru, Nigeria: Morphology and Chronology», *PLoS ONE* 6, n.º 9, 2011, e24024.

21. Grün, R. *et al.*, «Dating the Skull from Broken Hill, Zambia, and Its Position in Human Evolution», *Nature*, n.º 580, 2020, pp. 372-375.

22. Mellars, P., «Going East: New Genetic and Archaeological Perspectives on the Modern Human Colonization of Eurasia», *Science*, n.º 313, 2006, pp. 796-800.

23. Klein, R. G., «Archeology and the Evolution of Human Behavior», *Evolutionary Anthropology*, n.º 9, 2000, pp. 17-36.

24. Los haplogrupos son los diferentes grupos maternos o clados que forman las ramas de un árbol de parentesco mitocondrial. Cada haplogrupo maternal puede rastrearse hasta llegar a una sola persona que vivió en algún momento del tiempo prehistórico. Los haplogrupos, por tanto, pueden aportar mucha información para explorar la línea femenina de ascendencia y los períodos de división de los distintos haplogrupos. Ahora sabemos, sin embargo, que la evolución humana se caracteriza por eventos interrumpidos de cruce y flujo genético entre grupos diferentes. Por este motivo, la verdadera historia de la evolución humana es mucho más compleja y solo puede ser revelada en su totalidad por el análisis del genoma.

25. Soares, P. *et al.*, «The Expansion of mtDNA Haplogroup L3 Within and Out of Africa», *Molecular Biology and Evolution* 29, n.º 3, 2012, pp. 915-927.

26. Groucutt, H. S. *et al.*, «Rethinking the Dispersal of *Homo sapiens* Out of Africa», *Evolutionary Anthropology* 24, n.º 4, 2015, pp. 149-164.

27. Clarkson, C. *et al.*, «Human Occupation of Northern Australia by 65,000 Years Ago», *Nature*, n.º 547, 2017, pp. 306-310.

28. Groucutt, H. S. *et al.*, «Stone Tool Assemblages and Models for the Dispersal of *Homo sapiens* Out of Africa», *Quaternary International*, n.º 382, 2015, pp. 8-30.

29. Liu, W. *et al.*, «The Earliest Unequivocally Modern Humans in Southern China», *Nature*, n.º 526, 2015, pp. 696-699.

30. Harvati, K. *et al.*, «Apidima Cave Fossils Provide Earliest Evidence of *Homo sapiens* in Eurasia», *Nature*, n.º 571, 2019, pp. 500-504.

31. Igual que la datación por radiocarbono, las series de uranio son un método basado en la desintegración de isótopos, pero, a diferencia de aquella, la vida media de algunos de estos isótopos es mucho más larga, y por eso puede datarse material mucho más antiguo, hasta 500 000 años. El método se fundamenta en los isótopos de uranio, empezando por 238U, que se desintegra hasta 234U y después hasta 240Th. Al final, la cadena de desintegración cae en cascada pasando por varios isótopos hijo hasta terminar en plomo estable. 234U y 240Th son los isótopos más usados en el proceso de datación. El uranio es soluble en agua, pero el torio no, y así sucede que después de que el uranio ha entrado en el hueso o en el diente, el torio empezará a acumularse; cuanto más 240Th, más antiguo será el espécimen. Cuando datamos un diente o un hueso lo que realmente estamos da-

tando con este método es el tiempo transcurrido desde que el uranio pasó al material. Lógicamente, esto podría haber ocurrido mucho tiempo después de que el material entrara en el registro arqueológico, y de ahí que las dataciones de dientes y huesos por series de uranio suelan considerarse «edades mínimas». Uno de los supuestos de este método es que la muestra es un «sistema cerrado», lo que significa que en el material objeto de datación no ha entrado ni salido uranio desde la primera absorción de uranio. Para comprobar este extremo pueden usarse distintos métodos. Al datar estalagmitas o estalactitas (o espeleotemas) el sistema suele estar cerrado, pero en huesos y dientes es menos frecuente.

32. Hershkovitz, I. *et al.*, «The Earliest Modern Humans Outside Africa», *Science*, n.º 359, 2018, pp. 456-459.

33. El estrecho se encuentra entre los actuales países de Yibuti por el lado africano y Yemen por el arábigo.

34. Petraglia, M. D., P. S. Breeze y H. S. Groucutt, «Blue Arabia, Green Arabia: Examining Human Colonisation and Dispersal Models», en Rasul, N. e I. Stewart (eds.), *Geological Setting, Paleoenvironment and Archaeology of the Red Sea*, Springer, Cham, 2019, pp. 675-683.

35. Drake, N. A. *et al.*, «Ancient Watercourses and Biogeography of the Sahara Explain the Peopling of the Desert», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 108, n.º 2, 2011, pp. 458-462.

36. Groucutt, H. S. *et al.*, «*Homo sapiens* in Arabia by 85,000 Years Ago», *Nature Ecology and Evolution*, n.º 2, 2018, pp. 800-809.

37. Beyer, R. M. *et al.*, «Windows Out of Africa: A 300,000-Year Chronology of Climatically Plausible Human Contact with Eurasia», *bioRxiv*, prepublicación *online*, 14/01/2020, <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.01.12.901694v1>, consultado el 18/04/2022.

38. Mallick, S. *et al.*, «The Simons Genome Diversity Project: 300 Genomes from 142 Diverse Populations», *Nature*, n.º 538, 2016, pp. 201-206.

39. *Ibid.* Pagani, L. *et al.*, «Genomic Analyses Inform on Migration Events During the Peopling of Eurasia», *Nature*, n.º 538, 2016, pp. 238-242.

40. Estos investigadores la denominaron xOoA (Salida de África extinto), en oposición a OoA.

41. Kuhlwilm, M. *et al.*, «Ancient Gene Flow from Early Modern Humans into Eastern Neanderthals», *Nature*, n.º 530, 2016, pp. 429-433.

42. Grove, M., E. Pearce y R. I. Dunbar, «Fission-Fusion and the Evolution of Hominin Social Systems», *Journal of Human Evolution* 62, n.º 2, 2012, pp. 191-

200.

43. Su biógrafa, Judith Heimann, tituló su libro *The Most Offending Soul Alive: Tom Harrisson and His Remarkable Life*; el título lo dice todo.

44. Los miembros del equipo de Niah descubrieron que el polen de las plantas *Justicia* aparece, en alta frecuencia, coincidente con la presencia de fases forestales en la jungla. Hoy, *Justicia* es siempre la primera planta recolonizadora después de los incendios en el Parque Nacional de Niah, y por eso las altas proporciones de su polen a lo largo del tiempo podría muy bien ser un reflejo del uso del fuego para clarear los bosques.

45. Barker, G. *et al.*, «The "Human Revolution" in Lowland Tropical Southeast Asia: The Antiquity and Behavior of Anatomically Modern Humans at Niah Cave (Sarawak, Borneo)», *Journal of Human Evolution*, n.º 52, 2007, pp. 243-261.

46. Wedage, O. *et al.*, «Specialized Rainforest Hunting by *Homo sapiens* ~45,000 Years Ago», *Nature Communications*, n.º 10, 2019, p. 739.

47. Langley, M. C. *et al.*, «Bows and Arrows and Complex Symbolic Displays 48,000 Years Ago in the South Asian Tropics», *Science Advances* 6, n.º 24, 2020, eaba3831.

48. Westaway, K. *et al.*, «An Early Modern Human Presence in Sumatra 73,000–63,000 Years Ago», *Nature*, n.º 548, 2017, pp. 322-325. Kira Westaway y sus colegas trabajaron en el yacimiento de Lida Ajer en Sumatra, donde investigadores del siglo XIX habían descubierto dientes homininos fósiles y los huesos de animales extintos. A pesar de que los antropólogos físicos identificaron después un diente en concreto como perteneciente a un humano moderno, el yacimiento permaneció casi ignorado por la falta de una cronología fiable y por haber sido excavado mucho tiempo atrás. Westaway y su equipo decidieron estudiarlo con métodos científicos nuevos. Nuevas técnicas de datación y un nuevo análisis del diente demostraron que era claramente humano moderno y que databa de hace 63 000-73 000 años.

49. Roberts, P. y B. A. Stewart, «Defining the "Generalist Specialist" Niche for Pleistocene *Homo sapiens*», *Nature Human Behaviour*, n.º 2, 2018, pp. 542-550.

50. Bae, C. J., K. Douka y M. D. Petraglia, «On the Origin of Modern Humans: Asian Perspectives», *Science* 358, n.º 6368, 2017, eaai9067.

51. Langley *et al.*, 2020.

52. Dennell, R., «Human Colonization of Asia in the Late Pleistocene: The History of an Invasive Species», *Current Anthropology*, n.º 58, supl. 17, 2017, pp. S383-S396.

53. Shipman, P., *The Invaders: How Humans and Their Dogs Drove Neanderthals to Extinction*, Harvard University Press, Cambridge, 2015.

1. Menez, A., «The Gibraltar Skull: Early History, 1848–1868», *Archives of Natural History*, n.º 45.1, 2018, pp. 92-110.

2. Schmitz, R. y J. Thissen, *Neandertal: Die Geschichte geht weiter*, Spektrum, Heidelberg, 2002; Madison, P., «The Most Brutal of Human Skulls: Measuring and Knowing the First Neanderthal», *British Journal for the History of Science* 49, n.º 3, 2016, pp. 411-432.

3. Curiosamente, 139 años después, en 1997, un equipo de arqueólogos alemanes coordinados por Ralf Schmitz excavó en la zona aproximada de la antigua base de la cueva. Se recuperaron restos de huesos entre los que figuraba, por increíble que parezca, un fragmento de la cara y un pedazo de fémur del mismo espécimen, que pudieron combinarse con los otros huesos como si fueran piezas perdidas de un rompecabezas. También descubrieron restos de huesos de brazos que indicaban que en la cueva había enterrado más de un individuo. Véase nota 51.

4. Los restos de Feldhofer no fueron los primeros huesos neandertales que se encontraron. Hubo dos descubrimientos anteriores: en 1829, en el yacimiento de Engis en Bélgica, los excavadores encontraron un cráneo infantil identificado después como neandertal, y en Gibraltar se encontró hacia 1848, según parece, el famoso cráneo de la cantera de Forbes, que fue enviado a Inglaterra para su estudio en 1865 (Menez, 2018).

5. Trinkaus, E., «Pathology and the Posture of the La Chapelle-aux-Saints Neandertal», *American Journal of Physical Anthropology* 67, n.º 1, 1985, pp. 19-41.

6. Richards, M. P. y E. Trinkaus, «Isotopic Evidence for the Diets of European Neanderthals and Early Modern Humans», *Proceedings of the National Academy of Sciences*, n.º 106, 2009, pp. 16034-16039.

7. Las mujeres de las comunidades inuits suelen ocuparse de curtir las pieles, cocinar, calentar las casas y limpiar, mientras que los hombres se dedican a cazar, construir casas y pescar.

8. Power, R. C. *et al.*, «Dental Calculus Indicates Widespread Plant Use within the Stable Neanderthal Dietary Niche», *Journal of Human Evolution*, n.º 119, 2018, pp. 27-41.

9. Zilhão, J. *et al.*, «Symbolic Use of Marine Shells and Mineral Pigments by Iberian Neanderthals», *Proceedings of the National Academy of Sciences*, n.º 107, 2010, pp. 1023-1028; Stringer, C. *et al.*, «Neanderthal Exploitation of Marine Ma-

mmals in Gibraltar», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 105, 2008, pp. 14319-14324.

10. Harvati, K. *et al.*, «New Neanderthal Remains from Mani Peninsula, Southern Greece: The Kalamakia Middle Paleolithic Cave Site», *Journal of Human Evolution*, n.º 64, 2013, pp. 486-499; Hayden, B., «Neanderthal Social Structure?», *Oxford Journal of Archaeology* 31, n.º 1, 2012, pp. 1-26.

11. Power *et al.*, 2018.

12. Henry, A. G., A. Brooks y D. Piperno, «Microfossils in Calculus Demonstrate Consumption of Plants and Cooked Foods in Neanderthal Diets (Shanidar III, Iraq; Spy I and II, Belgium)», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 108, n.º 2, 2011, pp. 486-491.

13. Rosas, A. *et al.*, «Identification of Neanderthal Individuals in Fragmentary Fossil Assemblages by Means of Tooth Associations: The Case of El Sidrón (Asturias, España)», *Comptes Rendus Palevol* 12, n.º 5, 2013, pp. 279-291.

14. Siete adultos (cuatro hembras, tres varones), tres adolescentes (una hembra, dos varones), dos juveniles (una hembra, uno de sexo desconocido) y un infante (sexo desconocido).

15. Defleur, A. *et al.*, «Neanderthal Cannibalism at Moula-Guercy, Ardèche, France», *Science*, n.º 286, 1999, pp. 128-131.

16. Bar-Yosef, O., «Eat What is There: Hunting and Gathering in the World of Neanderthals and Their Neighbours», *International Journal of Osteoarchaeology*, n.º 14, 2004, pp. 333-342.

17. Hardy, K. *et al.*, «Neandertal Medics? Evidence for Food, Cooking and Medicinal Plants Entrapped in Dental Calculus», *Naturwissenschaften*, n.º 99, 2012, pp. 617-626.

18. Weyrich, L. *et al.*, «Neanderthal Behaviour, Diet, and Disease Inferred from Ancient DNA in Dental Calculus», *Nature*, n.º 544, 2017, pp. 357-361.

19. El *Homo sapiens* también empleó este método para hacer herramientas musterienses en otras partes del mundo, como el Levante, y por eso en varias regiones no constituyen la huella distintiva de los neandertales. En Europa, sin embargo, la técnica musteriense sí parece privativa de los neandertales.

20. Boëda, É. *et al.*, «New Evidence for Significant Use of Bitumen in Middle Paleolithic Technical Systems at Umm el Tlel (Syria) Around 70,000 BP», *Paléorient* 34, n.º 2, 2008, pp. 67-83.

21. Soressi, M. *et al.*, «Neandertals Made the First Specialized Bone Tools in Europe», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 110, n.º 35, 2013, pp. 14186-14190.

22. Schoch, W. H. *et al.*, «New Insights on the Wooden Weapons from the Paleolithic Site of Schöningen», *Journal of Human Evolution*, n.º 89, 2015, pp. 214-225.

23. Migliano, A. B. *et al.*, «Hunter-Gatherers from Different Bands Form Fluid Social Networks That Facilitate Cultural Innovation Through Recombination of Cultural Traditions», *Science Advances* 6, n.º 9, 2020, eaax5913.

24. Zilhão *et al.*, 2020.

25. Hoffmann, D. L. *et al.*, «Symbolic Use of Marine Shells and Mineral Pigments by Iberian Neandertals 115,000 years ago», *Science Advances* 4, n.º 2, 2018, eaar5255.

26. Henshilwood, C. S. *et al.*, «A 100,000-Year-Old Ochre-Processing Workshop at Blombos Cave, South Africa», *Science*, n.º 334, 2011, pp. 219-222.

27. Majkić, A. *et al.*, «A Decorated Raven Bone from the Zaskalnaya VI (Kolosovskaya) Neanderthal Site, Crimea», *PLoS ONE* 12, n.º 3, 2017, eo173435.

28. Morin, E. y V. Laroulandie, «Presumed Symbolic Use of Diurnal Raptors by Neanderthals», *PLoS ONE* 7, n.º 3, 2012, e32856.

29. Radovčić, D. *et al.*, «Evidence for Neandertal Jewelry: Modified White-Tailed Eagle Claws at Krapina», *PLoS ONE* 10, n.º 3, 2015, e0119802.

30. Radovčić, D. *et al.*, «Surface Analysis of an Eagle Talon from Krapina», *Scientific Reports*, n.º 10, p. 6329.

31. Rouzad, F., «La paléospéléologie ou: l'approche globale des documents anthropiques et paléontologiques conservés dans le karst profond», *Quaternaire* 8, nº 2-3, 1997, pp. 257-265. Jaubert, J., «Early Neanderthal Constructions Deep in Bruniquel Cave in Southwestern France», *Nature* 534, n.º 7605, 2016, pp. 111-114.

32. <https://www.theatlantic.com/science/archive/2016/05/the-astonishing-age-of-a-neanderthal-cave-construction-site/484070/>, consultado el 18/04/2022.

33. Rodríguez-Vidal, J. *et al.*, «A Rock Engraving Made by Neanderthals in Gibraltar», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 111, n.º 37, 2014, pp. 13301-13306.

34. Hoffmann, D. L. *et al.*, «U-Th Dating of Carbonate Crusts Reveals Neandertal Origin of Iberian Cave Art», *Science*, n.º 359, 2018, pp. 912-915.

35. D'Errico, F. *et al.*, «Neanderthal Acculturation in Western Europe? A Critical Review of the Evidence and Its Interpretation», *Current Anthropology* n.º 39, 1998, pp. S1-S44.

36. Vanhaeren, M. y F. d'Errico, «Aurignacian Ethno-Linguistic Geography of Europe Revealed by Personal Ornaments», *Journal of Archaeological Science*, n.º 33, 2006, pp. 1105-1128.

37. Existe otro, denominado Lincombiano-Ranisiano-Jerzmanowiciano, que afortunadamente se abrevia como LRJ. La región en la que aparecieron estas herramientas se extiende a lo largo de 1500 km desde Gran Bretaña, los Países Bajos y Alemania hasta Polonia, donde, entre los 50° y 55° de latitud norte, encontramos yacimientos con hachas de mano muy similares del tipo «punta de hoja». Persiste la duda sobre si esta industria fue obra de los neandertales o de nosotros.

38. Quinçay, también en Francia.

39. Caron, F. *et al.*, «The Reality of Neanderthal Symbolic Behavior at the Grotte du Renne, Arcy-sur-Cure, France», *PLoS ONE* 6, n.º 6, 2011, 321545.

40. Fue también por entonces cuando mi padre me preguntó en qué había estado trabajando últimamente. Cuando contesté que en un yacimiento llamado Arcy, el rostro de mi padre se iluminó. ¿Arcy-sur-Cure? ¿La Grotte du Renne? Me contó que él y mi tío Richard, cuando tenían respectivamente diecinueve y veintiún años, habían viajado al yacimiento en el verano de 1958 para trabajar con André Leroi-Gourham y su equipo. Yo no podía creérmelo, ni tampoco se lo creía él cuando le dije que ahora era uno de los yacimientos más famosos e importantes de toda Europa y fundamental en las discusiones sobre los neandertales y los humanos modernos. Siendo adolescente, él había estado excavando los mismos estratos en los que yo trabajaba. Hablamos mucho sobre sus recuerdos, y sacó de los polvorientos archivos familiares algunas fotografías de cuando estuvo allí.

41. Hublin, J.-J. *et al.*, «Radiocarbon Dates from the Grotte du Renne and Saint-Césaire Support a Neandertal Origin for the Châtelperronian», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 109, n.º 49, 2012, pp. 18743-18748.

42. Gravina, B. *et al.*, «No Reliable Evidence for a Neanderthal-Châtelperronian Association at La Roche-à-Pierrot, Saint Césaire», *Scientific Reports*, n.º 8, 2018, p. 15134.

43. Mellars, P., «The Impossible Coincidence. A Single-Species Model for the Origins of Modern Human Behavior in Europe», *Evolutionary Anthropology*, n.º 14, 2005, pp. 12-27.

44. Smith, F., A. Falsetti y S. Donnelly, «Modern Human Origins», *Yearbook of Physical Anthropology*, n° 32, 1989, pp. 35-68.

45. El más famoso es, probablemente, la serie de libros de Jean M. Auel que empieza con *El clan del oso cavernario*, donde una *Homo sapiens* de cinco años llamada Ayla es adoptada por un grupo de neandertales cuando se queda huérfana tras la destrucción del campamento de su familia. Unos años después es brutalmente violada por un neandertal y da a luz una hija. La criatura presenta rasgos de ambos grupos, pero se la considera deforme. Al final Ayla es expulsada, dejando a su hija para que se críe con los neandertales.

46. Krings, M. *et al.*, «Neandertal DNA Sequences and the Origin of Modern Humans», *Cell* 90, n.° 1, 1997, pp. 19-30; Serre, D. *et al.*, «No Evidence of Neandertal mtDNA Contribution to Early Modern Humans», *PLoS ONE Biology* 2, n.° 3, 2004, pp. 313-317.

47. Green, R. E. *et al.*, «A Draft Sequence of the Neandertal Genome», *Science*, n.° 328, 2010, pp. 710-722.

48. En las páginas 94-95 se explican las diferencias entre el genoma nuclear y el ADNmt.

49. Rozzi, F. V. R. *et al.*, «Cutmarked Human Remains Bearing Neandertal Features and Modern Human Remains Associated with the Aurignacian at Les Rois», *Journal of Anthropological Sciences*, n.° 87, 2009, pp. 153-185.

1. La historia del nombre de la cueva de Denísova es difícil de desentrañar, porque proviene de fuentes orales y por la ausencia de registros históricos fiables en la zona. La traducción literal en ruso es «una cueva donde vive Denis», pero esto podría hacer referencia a Denis o Denísov. La tradición oral lo cuenta así: «La cueva recibió su nombre a finales del siglo XIX cuando se convirtió en el refugio de Dionisio (o Denis), un viejo creyente que vivió allí como ermitaño y fue consejero espiritual de los viejos creyentes de los pueblos cercanos». En este contexto, «viejos creyentes» se refiere al cisma que se produjo en la Iglesia ortodoxa rusa a mediados del siglo XVII y la dividió en una iglesia oficial y el movimiento de los Viejos Creyentes. A finales del siglo XVIII aparecieron algunos asentamientos de los Viejos Creyentes en la región de Altái. Otra historia sobre el origen habla de un pastor llamado Denis que usaba la cueva como aprisco para sus ovejas cuando hacía mal tiempo. Michael Shunkov, codirector de las excavaciones en Denísova, ha dicho que el nombre podría aludir a una familia Denísov que vivía en la zona antes de la Revolución de Octubre y trabajaba en un molino a orillas del río Anui. Le estoy agradecido a Vladímir Vaneev (SB-RAS) por su

trabajo y su asesoramiento en esta cuestión. (PS: Me inclino por la historia del monje.)

2. Hoy llamada República de Sajá.

3. El Obi es el séptimo río más largo del mundo, con un curso de más de 5300 km. Su cuenca comprende el Altái y se prolonga hasta las fronteras con China y Mongolia.

4. Slon, V. *et al.*, «A Fourth Denisovan Individual», *Sciences Advances* 3, n.º 7, 2017, e1700186.

5. Denísova 1, un diente pequeño y roto, se identificó inicialmente como un primer incisivo superior humano, pero el análisis posterior reveló que pertenecía a un bóvido grande, quizá un bisonte. Véase Viola, B. *et al.*, «Late Pleistocene Hominins from the Altai Mountains, Russia», en Derevianko, A. P. y V. Shunkov (eds.), *Characteristic Features of the Middle to Upper Paleolithic Transition in Eurasia*, SB-RAS, Novosibirsk, 2011, pp. 2017-2013.

6. Weber, A. W. *et al.*, «Radiocarbon Dates from Neolithic and Bronze Age Hunter-Gatherer Cemeteries in the Cis-Baikal Region of Siberia», *Radiocarbon* 48, n.º 1, 2006, pp. 127-166.

7. En Gran Bretaña, en el yacimiento de Pin Hole en Derbyshire, se han encontrado decenas de estas puntas, todas resultado de la acción de las hienas, no de los humanos. Una vez, durante una visita a un yacimiento francés, tuvimos que informar a un colega de que la preciosa punta de hueso/asta que había excavado y analizado no era ni mucho menos un artefacto, sino que había salido del estómago de una hiena. Aquello no le sentó bien al alumno del máster, que había escrito una tesis sobre el tal «artefacto».

8. Hofreiter, M. *et al.*, «Lack of Phylogeography in European Mammals Before the Last Glaciation», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 101, n.º 35, 2004, pp. 12963-12968.

9. Pese al frecuente estado fragmentario de los huesos en el yacimiento, es posible identificar más de veinticinco especies de mamíferos grandes y más de cien vertebrados pequeños como aves, peces, anfibios y reptiles. Científicos rusos han reconstruido las condiciones medioambientales de la zona investigando los tipos de mamíferos pequeños que viven hoy a diferentes altitudes en las comunidades alpinas y subalpinas de Altái. Atrapando animales que viven hoy en diferentes ecotonos han investigado las preferencias climáticas y ambientales de la fauna moderna, y comparando estos datos con el conjunto arqueológico de huesos y polen, pueden deducir las probables condiciones ambientales reinantes en los diferentes períodos prehistóricos.

10. El Pleistoceno designa el período que abarca los últimos 2,6 millones de años hasta hace 11 700 años.

1. Hagelberg, E., M. Hofreiter y C. Keyser, «Ancient DNA: The First Three Decades», *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 370, n.º 1660, 2015.

2. Cooper, A. y H. N. Poinar, «Ancient DNA: Do It Right or Not at All», *Science*, n.º 289, 2000, p. 1139.

3. Madison, P., «The Most Brutal of Human Skulls: Measuring and Knowing the First Neanderthal», *British Journal for the History of Science* 49, n.º 3, 2016, pp. 411-432.

4. Cooper, A. *et al.*, «Human Origins and Ancient Human DNA», *Science*, n.º 292, 2001, pp. 1655-1656.

5. Dabney, J., M. Meyer y S. Pääbo, «Ancient DNA Damage», *Cold Spring Harbor Perspectives in Biology* 5, n.º 7, a012567.

6. Gansauge, M.-T. y M. Meyer, «Selective Enrichment of Damaged DNA Molecules for Ancient Genome Sequencing», *Genome Research* 24, n.º 9, 2014, pp. 1543-1549.

7. Korlević, P. *et al.*, «Reducing Microbial and Human Contamination in DNA Extractions from Ancient Bones and Teeth», *BioTechniques* 59, n.º 2, 2015, pp. 87-93.

8. Mullis fue un personaje interesante y complejo. Afirmaba que el LSD había desempeñado un papel fundamental en su vida laboral, y en su autobiografía, *Dancing Naked in the Mind Field*, escribió que, en cierta ocasión, cerca de su cabaña en el bosque, se había encontrado con un mapache verde brillante, un posible alienígena, que le dijo: «Buenas tardes, doctor». La idea de la PCR se le ocurrió en un típico momento eureka mientras iba conduciendo a altas horas de la noche desde Berkeley hasta su cabaña del bosque por la carretera 128 de California. A la altura del mojón de las 46,58 millas se apartó de la carretera y, mientras su novia dormía a su lado, pergeñó unas notas mientras ideaba el método. Se dio cuenta de que la PCR podría tener una importancia capital, al permitir la amplificación de inmensas cantidades de ADN. Aquella noche quedó convencido de que algún día ganaría el Premio Nobel por este invento. Lamentablemente, su carrera posterior estuvo marcada por la negación del cambio climático y la falsa idea de que el VIH no era causante del sida.

9. Sanger, que rechazó el título de sir, ganó dos Premios Nobel de Química, uno de ellos por lo que se conocería como «secuenciación de Sanger».

10. Green, R. E. *et al.*, «A Draft Sequence of the Neandertal Genome», *Science*, n.º 328, 2010, pp. 710-722.

11. Véase una descripción general en <www.yourgenome.org/facts/what-is-the-454-method-of-dna-sequencing>, consultado el 19/04/2022.

12. Espero que ningún lector infiera de esta analogía que por fuerza tiene que haber cantidades inmensas de texto basura en este libro.

13. Rasmussen, M. *et al.*, «Ancient Genome Sequence of an Extinct Paleo-Eskimo», *Nature*, n.º 463, 2010, pp. 757-762.

14. Olalde, I. *et al.*, «The Beaker Phenomenon and the Genomic Transformation of Northwest Europe», *Nature*, n.º 555, 2018, pp. 190-196.

1. Pääbo, S., *Neanderthal Man: In Search of Lost Genomes*, Basic Books, Nueva York, 2014. Versión castellana de Federico Zaragoza, *El hombre de Neandertal: en busca de genomas perdidos*, Alianza, Madrid, 2018.

2. *Ibid.*

3. Krause, J. *et al.*, «The Complete Mitochondrial DNA Genome of an Unknown Hominin from Southern Siberia», *Nature*, n.º 464, 2010, pp. 894-897.

4. Reich, D. *et al.*, «Genetic History of an Archaic Hominin Group from Denisova Cave in Siberia», *Nature*, n.º 468, 2010, pp. 1053-1060.

5. Meyer, M. *et al.*, «A High-Coverage Genome Sequence from an Archaic Denisovan Individual», *Science*, n.º 338, 2012, pp. 222-226. Un genoma de alta cobertura tiene por lo general una cobertura >20×. El récord entre los genomas antiguos lo batió un genoma del Mesolítico sueco con una cobertura de 70× del yacimiento de Stora Förvar (publicado por Torsten Günther y sus colegas en *PLoS Biology* 2018). Entre nuestros especímenes más antiguos del Paleolítico, destaca el hueso «neandertal de Altái» Denísova 5, con un increíble genoma de 52×, una cobertura superior a la de la mayoría de los genomas de humanos vivos. El genoma de Craig Venter, por ejemplo, director de uno de los dos equipos que compitieron en la carrera por ser los primeros en secuenciar el genoma human, tiene una cobertura de 7,5×.

6. Green, R. E. *et al.*, «A Draft Sequence of the Neandertal Genome», *Science*, n°. 328, 2010, pp. 710-722.

7. Bennett, E. A. *et al.*, «Morphology of the Denisovan Phalanx Closer to Modern Humans Than to Neanderthals», *Sciences Advances* 5, n.º 9, 2019.

8. Meyer *et al.*, 2012.

9. Prüfer, K. *et al.*, «A High-Coverage Neandertal Genome from Vindija Cave in Croatia», *Science*, n.º 368, 2017, pp. 655-658.

10. Green *et al.*, 2010.

11. Parece que acertó en sus previsiones: en ocho años los activos de la compañía para la que trabajaba se incrementaron de 200 a 4000 millones de dólares.

12. En un principio al Instituto Whitehead de Investigación Biomédica, integrado en el Instituto de Tecnología de Massachusetts (MIT), cuyo Centro de Investigación del Genoma se convertiría en el Instituto Broad de Harvard y el MIT.

13. Reich, D. *et al.*, 2010.

1. Sawyer, S. *et al.*, «Nuclear and Mitochondrial DNA Sequences from Two Denisovan Individuals», *Proceedings of the National Academy of Sciences*, n.º 112, 2015, pp. 15696-15700.

2. Prüfer, K. *et al.*, «A High-Coverage Neandertal Genome from Vindija Cave in Croatia», *Science*, n.º 358, 2017, pp. 655-658.

3. Bennett, E. A. *et al.*, «Morphology of the Denisovan Phalanx Closer to Modern Humans Than to Neanderthals», *Science Advances* 5, n.º 9, eaaw3950.

4. Los dedos neandertales parecen bastante especializados dentro de su fenotipo por lo general más robusto, a lo que aquí se añade un agarre muy potente con dedos de puntas anchas y fornidas.

5. La denominación de los dientes es M para molar, I para incisivo, P para premolar y C para canino, y su posición se indica con un subíndice o superíndice que precisa si son superiores o inferiores. Así, un M1 es un primer molar superior, mientras que un M3 es un tercer molar inferior. Las letras en caja baja se usan para los dientes de leche.

6. Reich, D. *et al.*, «Genetic History of an Archaic Hominin Group from Denisova Cave in Siberia», *Nature*, n.º 468, 2010, pp. 1053-1060.

7. Véase Meyer, M. *et al.*, «A High-Coverage Genome Sequence from an Archaic Denisovan Individual», *Science*, n.º 338, 2012, pp. 222-226. La sección de donde procede este análisis es de Viola, B. *et al.*, «Morphology of the Denisova Molar and Phalanx. Stratigraphy and Dating (Supplementary Information 12)».

8. Arnold, L. J. *et al.*, «Luminescence Dating and Paleomagnetic Age Constraint of Hominins from Sima de los Huesos, Atapuerca, Spain», *Journal of Human Evolution*, n.º 67, 2014, pp. 85-107.

9. Xing, S. *et al.*, «Hominin Teeth from the Early Late Pleistocene Site of Xujiayao, Northern China», *American Journal of Physical Anthropology*, n.º 156, 2015,

pp. 224-240; Martinón-Torres, M. *et al.*, «A "Source and Sink" Model for East Asia? Preliminary Approach Through the Dental Evidence», *Comptes Rendus Palevol*, n.º 17, 2018, pp. 1-2 y 33-43.

10. Tu, H. *et al.*, «26Al/10Be Burial Dating of Xujiayao-Houjiayao Site in Nihewan Basin, Northern China», *PLoS ONE* 10, n.º 2, 2015, e0118315.

11. Xing *et al.*, 2015.

12. Martinón-Torres, M. *et al.*, «*Homo sapiens* in the Eastern Asian Late Pleistocene», *Current Anthropology* 58 (supl. 17), 2017, pp. S434-S448.

13. Li Zhan-Yang, del Instituto de Paleontología de Vertebrados y Paleoantropología (IVPP) de Pekín, fue el excavador.

14. Li, Z. *et al.*, «Engraved Bones from the Archaic Hominin Site of Lingjing, Henan Province», *Antiquity* 93, n.º 370, 2019, pp. 886-900.

15. Li, Z.-Y. *et al.*, «Late Pleistocene Archaic Human Crania from Xuchang, China», *Science*, n.º 355, 2017, pp. 969-972.

16. Llamas, B. *et al.*, «High-Resolution Analysis of Cytosine Methylation in Ancient DNA», *PLoS ONE* 7, n.º 1, 2012, e30226.

17. Gokhman, D. *et al.*, «Reconstructing the DNA Methylation Maps of the Neandertal and the Denisovan», *Science*, n.º 344, 2014, pp. 523-527.

18. Briggs, A. W. *et al.*, «Patterns of Damage in Genomic DNA Sequences from a Neandertal», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 104, n.º 37, 2007, pp. 14616-14621.

19. Gokhman, D. *et al.*, «Reconstructing Denisovan Anatomy Using DNA Methylation Maps», *Cell* 179, n.º 1, 2019, pp. 180-192.

20. Gokhman *et al.*, 2019.

21. Schneider, E., N. El Hajj y T. Haaf, «Epigenetic Information from Ancient DNA Provides New Insights into Human Evolution. Commentary on Gokhman, D. *et al.* (2014): Reconstructing the DNA Methylation Maps of the Neanderthal and the Denisovan», *Science* 344, pp. 523-527, *Brain, Behavior and Evolution* 84, n.º 3, 2014, pp. 169-171.

22. Dongju Zhang, comunicación personal, 22 de noviembre del 2019.

23. <https://www.eva.mpg.de/evolution/downloads>, consultado el 19/04/2022.

24. Welker, F. *et al.*, «Palaeoproteomic Evidence Identifies Archaic Hominins Associated with the Châtelperronian at the Grotte du Renne», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 113, n.º 40, 2016, pp. 11162-11167; Welker, F., «Pa-

laeoproteomics for Human Evolution Studies», *Quaternary Sciences Reviews*, n.º 190, 2016, pp. 137-147.

25. Cromatografía líquida con espectrometría de masas/espectrometría de masas.

26. Primeramente, se separan las proteínas de los aminoácidos utilizando cromofotografía líquida y se aplica una descarga eléctrica a cada una, lo que permite a los científicos alterar su trayectoria cuando pasan junto a un campo magnético a gran velocidad. Las moléculas más grandes son sometidas a una desviación menor que las pequeñas y pueden, por tanto, ser separadas y medidas, o detectadas, según su masa. Esto permite determinar su abundancia. Se puede usar un segundo espectrómetro de masas para determinar con más precisión la masa de las partículas grandes, que pueden así dividirse en partículas más pequeñas y medirse.

27. Orlando, L. *et al.*, «Recalibrating *Equus* Evolution Using the Genome Sequence of an Early Middle Pleistocene Horse», *Nature*, n.º 499, 2013, pp. 74-78.

28. Demarchi, B. *et al.*, «Protein Sequences Bound to Mineral Surfaces Persist into Deep Time», *eLife*, n.º 5, 2016, e17092.

29. Schroeter, E. R. *et al.*, «Expansion for the *Brachylophosaurus canadensis* Collagen I Sequence and Additional Evidence of the Preservation of Cretaceous Protein», *Journal of Proteome Research* 16, n.º 2, 2017, pp. 920-932.

30. Welker, F. *et al.*, «The Dental Proteome of *Homo antecessor*», *Nature*, n.º 580, 2020, pp. 235-238; Welker, F. *et al.*, «Enamel Proteome Shows That *Gigantopithecus* Was an Early Diverging Pongine», *Nature* 576, nº 7786, 2019, pp. 262-265.

31. Chen, F. *et al.*, «A Late Middle Pleistocene Denisovan Mandible from the Tibetan Plateau», *Nature*, n.º 569, 2019, pp. 409-412.

32. Chun-Hsiang y un colega japonés de Kioto llamado Masanari Takai, que había trabajado anteriormente con restos fósiles de monos en Taiwán. Después ambos trabajaron con el espécimen de Penghu.

33. No debe extrañar que la datación del espécimen de Penghu sea imprecisa considerando las circunstancias de su descubrimiento. Se cree que probablemente data de hace entre 10 000 y 70 000 años, o bien de entre 130 000 y 190 000, basándose en cálculos de los cambios en el nivel del mar en torno a las costas de Taiwán. El rango de antigüedad más temprano es el más probable.

34. Bailey, S., J.-J. Hublin y S. Antón, «Rare Dental Trait Provides Morphological Evidence of Archaic Introgression in Asian Fossil Record», *Proceedings of the*

National Academy of Sciences 116, n.º 30, 2019, pp. 14806-14807.

35. *Ibid.*

36. Entre 9000 y 47 000 años de antigüedad.

37. Curiosamente, en poblaciones como los nepaleses, la presencia de molares con tres raíces (3RM) es alta, en torno al 25 por ciento, lo que concuerda con la presencia de otros rasgos de procedencia denisovana como el gen *EPAS1*. Sin embargo, en otras partes del mundo denisovano, como Papúa Nueva Guinea, la incidencia de 3RM es menor: 12 por ciento en los aborígenes australianos. Algunos han sugerido que podría haber un efecto de la presencia de esta característica por influencias como la potencia masticatoria (véase Bailey, Hublin y Antón, 2019).

38. Chang, C.-H. *et al.*, «The First Archaic *Homo* from Taiwan», *Nature Communications* 6, artículo n.º 6037, 2015.

39. Viola, B., *et al.*, «A Parietal Fragment from Denisova Cave. Abstract: 88th Annual Meeting of the American Association of Physical Anthropologists, Cleveland, OH», 2019.

1. Buckley, M. *et al.*, «Species Identification by Analysis of Bone Collagen Using Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionisation Time-of-Flight Mass Spectrometry», *Rapid Communications in Mass Spectrometry*, n.º 23, 2009, pp. 3843-3854.

2. Hominidae designa la familia que consta de cuatro géneros de grandes simios: *Pongo* (orangután), *Gorilla*, *Pan* (chimpancé común y bonobo) y *Homo*.

3. Sus alumnos me contaron una historia graciosa sobre un premio que le dieron en Los Ángeles en el 2016, uno de los tres premios Breakthrough de 3 millones de dólares, conocidos como los «Óscar de la Ciencia», que se conceden anualmente a los mejores científicos del mundo. Svante regresó al laboratorio con una fotografía del momento en que una rubia muy atractiva le entregaba el premio. Svante no tenía ni idea de quién era hasta que sus alumnos le dijeron que era la megaestrella del pop Christina Aguilera.

4. El ERC me concedió una beca de 2,5 millones de euros —una cantidad extraordinariamente elevada— que se encuadra dentro de la estrategia de la Unión Europea de financiar proyectos de investigación innovadores en los que el alto riesgo que se corre comporta también una alta ganancia. Mi proyecto se llamaba «PalaeoChron», acrónimo de «Cronología Paleolítica». Pude contratar a varios investigadores de posdoctorado y estudiantes.

5. Welker, F. *et al.*, «Using ZooMS to Identify Fragmentary Bone from the Late Middle/Early Upper Paleolithic Sequence of Les Cottés, France», *Journal of Archaeological Science*, n.º 54, 2015, pp. 279-286.

6. Brown, S. *et al.*, «Identification of a New Hominin Bone from Denisova Cave, Siberia Using Collagen Fingerprinting and Mitochondrial DNA Analysis», *Scientific Reports* 6, art. n.º 23559, 2016

7. Slon, V. *et al.*, «The Genome of the Offspring of a Neanderthal Mother and a Denisovan Father», *Nature* 561, n.º 7721, 2018, pp. 113-116.

8. <https://www.nature.com/articles/d41586-018-06004-0>, consultado el 19/04/2022.

9. Prüfer, K. *et al.*, «The Complete Genome Sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains», *Nature* 505, n.º 7481, 2014, pp. 43-49.

10. Hemos continuado usando ZooMS en la cueva de Denísova durante el resto del trabajo de Katerina y el doctorado de Sam. En junio del 2020 habíamos identificado un total de nueve huesos nuevos de homininos, procedentes de unos 10 000 fragmentos óseos: más o menos uno por cada mil. En el transcurso de cuatro años, ZooMS ha doblado con creces el número total de restos humanos que tenemos de Denísova. Se calcula que Denisova encerraba 135 000 huesos, de los cuales 128 000 permanecieron sin identificar entre 1986 y el 2010, así que ahora se nos presenta la oportunidad de encontrar quizá 100–110 fragmentos óseos de homininos de Denisova, un yacimiento que estuvo ocupado durante unos 200 000 años.

1. Libby, W. F., E. C. Anderson y J. R. Arnold, «Age Determination by Radiocarbon Content: World-Wide Assay of Natural Radiocarbon», *Science*, n.º 109, 1949, pp. 227-228.

2. Esto significa que cuando datamos muestras de neandertales o denisovanos estamos midiendo niveles todavía más bajos de detección isotópica: 1 en 1 000 000 000 000 000.

3. Un dalton es la doceava parte del peso de un átomo de 12C.

4. La datación radiocarbónica se acompaña siempre de un valor ±, que representa la incertidumbre asociada a la medición con una desviación estándar. En la datación que nos ocupa, hay el 68 por ciento de probabilidades de que la antigüedad verdadera se sitúe dentro de un margen de ± 310 años con respecto a la antigüedad de 28 080 años de la datación radiocarbónica. La datación con radiocarbono debe, además, convertirse a años solares o naturales para obtener una antigüedad en años. Esto se debe a que el radiocarbono no se crea en igual cantidad año tras año, sino que fluctúa, y de ahí la necesidad de calibrar nuestras dataciones. Esto se hace midiendo muestras con edades conocidas, normalmente anillos de crecimiento de los árboles y, más allá de hace 14 000 años, muestras de sedimentos lacustres, madera antigua, corales y espeleotemas; la datación de estos

dos últimos materiales se efectúa con métodos de series de uranio. El resultado es una «curva de calibración», la última de las cuales (IntCal20) se remonta a hace 55 000 años y nos permite establecer dataciones en años reales.

5. Higham, T. F. G. *et al.*, «The Timing and Spatiotemporal Patterning of Neanderthal Disappearance», *Nature*, n.º 512, 2014, pp. 306-309.

6. Reich, D. *et al.*, «Genetic History of an Archaic Hominin Group from Denisova Cave in Siberia», *Nature*, n.º 468, 2010, pp. 1053-1060.

7. Michael Balter escribió una interesante reseña de su trabajo en la revista *Science* en el 2011: <https://science.sciencemag.org/content/332/6030/658.1.summary>, consultado el 19/04/2022.

8. McGrayne, S. B., *The Theory That Would Not Die: How Bayes' Rule Cracked the Enigma Code, Hunted Down Russians Submarines, & Emerged Triumphant from Two Centuries of Controversy*, Yale University Press, New Haven, 2011. Versión castellana de Tomás Fernández y Beatriz Eguibar, *La teoría que nunca murió: de cómo la regla de Bayes permitió descifrar el código Enigma, perseguir a los submarinos rusos y emerger triunfante de dos siglos de controversia*, Crítica, Barcelona, 2012.

9. α significa «es proporcional a», así que en terminología bayesiana sería: «El Previo multiplicado por la Probabilidad es proporcional al Posterior».

10. Buck, C. E., W. G. Cavanagh y C. D. Litton, *Bayesian Approach to Interpreting Archaeological Data*, John Wiley and Sons, Chichester, 1996.

11. El alumno de doctorado era Fabrizio Mafessoni. Agner Krarup Erlang fue un matemático danés que trabajó a principios de la década de 1900. Una de sus tareas consistió en calcular cuántas llamadas telefónicas podrían hacerse con las primeras centralitas y cuántas operadoras se necesitarían para procesarlas. Para resolver el problema desarrolló una nueva rama de análisis estadístico para la optimización de redes. En 1946 el Comité Consultivo Internacional de Telegrafía y Telefonía decidió llamar Erlang a su unidad de intensidad de tráfico.

12. Douka, K. *et al.* «Age Estimates for Hominin Fossils and the Onset of the Upper Paleolithic at Denisova Cave», *Nature*, n.º 565, 2019, pp. 640-644.

1. La distribución que aparece en la figura 23 está basada en Kuhn, S. y N. Zwyns, «Rethinking the Initial Upper Paleolithic», *Quaternary International*, n.º 347, 2014, pp. 29-38.

2. Belfer-Cohen, A. y A. Goring-Morris, «The Upper Paleolithic in Cisjordan», en Enzel, Y. y O. Bar-Yosef (eds.), *Quaternary of the Levant: Environments, Clima-*

te Change, and Humans, Cambridge University Press, Cambridge, 2017, pp. 627-637.

3. Rose, J. I. y A. E. Marks, «"Out of Arabia" and the Middle-Upper Paleolithic Transition in the Southern Levant», *Quartär*, n.º 61, 2014, pp. 49-85.

4. Dirigidas por el arqueólogo israelí Omri Barzilai.

5. Bergman, C. A. y C. B. Stringer, «Fifty Years After: Egbert, an Early Upper Paleolithic Juvenile from Ksar Akil, Lebanon», *Paléorient* 15, n.º 2, 1989, pp. 99-111.

6. Esto se basa en una carta remitida por el padre Franklin Ewing al doctor John Otis Brew, con copia para el profesor Hallam Movius, en la que cuenta sus recuerdos de lo que ocurrió en el Líbano en junio de 1966. Doy las gracias a la doctora Katerina Douka por haberla localizado en los archivos del Museo Peabody de Arqueología y Etnología, Cambridge (Massachusetts).

7. Bolton, B., «The Great Adventures of Egbert!», *The Ram* (periódico del Fordham College), n.º 33-35 (29 de octubre de 1953), pp. 3-5. Este documento demuestra que Egbert fue devuelto al Líbano por barco el 28 de octubre de 1953.

8. Bergman y Stringer, 1989.

9. Ethelruda se dio por perdida, como ocurrió con Egbert, pero recientemente apareció entre unas cajas de almacenamiento del Museo Nacional de Beirut.

10. Kuhn y Zwyns, 2014.

11. Mis colegas Ludovic Slimak y Laure Metz son los principales excavadores del yacimiento.

12. Dalén, L. *et al.*, «Partial Genetic Turnover in Neandertals: Continuity in the East and Population Replacement in the West», *Molecular Biology and Evolution* 29, n.º 8, 2012, pp. 1893-1897.

13. Müller, U. C. *et al.*, «The Role of Climate in the Spread of Modern Humans into Europe», *Quaternary Science Reviews* 30, n.º 3-4, 2011, pp. 273-279.

14. Shunkov, M. V., M. B. Kozlikin y A. P. Derevianko, «Dynamics of the Altai Paleolithic Industries in the Archaeological Record of Denisova Cave», *Quaternary International*, n.º 559, 2020, pp. 34-46.

15. Se llamaba Nikolái Peristov.

16. Moorjani, P. *et al.*, «A Genetic Method for Dating Ancient Genomes Provides a Direct Estimate of Human Generation Interval in the Last 45,000 Years», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 113, n.º 20, 2016, pp. 5652-5657; Racimo, F. *et al.*, «Evidence for Archaic Adaptive Introgression in Humans», *Na-*

ture Review Genetics, n.º 16, 2015, pp. 359-371 (la figura 28 se basa en este artículo).

17. Fu, Q. *et al.*, «The Genome Sequence of a 45,000-Year-Old Modern Human from Western Siberia», *Nature*, n.º 514, 2014, pp. 445-449.

18. Tras el descubrimiento de Ust'-Ishim, Anatoli Derevianko envió equipos a peinar las orillas del río Irtish para ver si encontraban más restos esqueléticos o evidencia arqueológica; escudriñaron más de 300 km de riberas, pero no hallaron nada.

1. Willerslev, E. *et al.*, «Ancient Biomolecules from Deep Ice Cores Reveal a Forested Southern Greenland», *Science*, 317, 2007, pp. 111-114.

2. Willerslev, E. *et al.*, «Diverse Plant and Animal Genetic Records from Holocene and Pleistocene Sediments», *Science*, n.º 300, 2003, pp. 791-795.

3. Hofreiter, M. *et al.*, «Molecular Caving», *Current Biology* 13, n.º 18, 2003, pp. R693-R695.

4. Haile, J. *et al.*, «Ancient DNA Chronology Within Sediment Deposits: Are Palaeobiological Reconstructions Possible and is DNA Leaching a Factor?», *Molecular Biology and Evolution*, n.º 24, 2007, pp. 982-989.

5. Slon, V. *et al.*, «Neandertal and Denisovan DNA from Pleistocene Sediments», *Science*, n.º 356, 2017, pp. 605-608.

6. *Ibid.*

7. Münzel, S., F. Seeberger y W. Hein, «The Geißenklösterle Flute: Discovery, Experiments, Reconstruction», *Studien zur Musikarchäologie* III, 2002, pp. 107-118.

8. Conard, N., M. Malina y S. Münzel, «New Flutes Document the Earliest Musical Tradition in Southwestern Germany», *Nature*, n.º 460, 2009, pp. 737-740.

9. Zavala, E. *et al.*, «Recovery of Ancient Hominin and Mammalian Mitochondrial DNA from High Resolution Screening of Pleistocene Sediments at Denisova Cave», libro de resúmenes de la reunión de la ESHE, Lieja (Bélgica).

1. Solo alrededor del 5 por ciento de los artículos científicos enviados a *Nature* son aceptados para su publicación. Nada menos que el 60 por ciento de los artículos enviados son rechazados sin llegar siquiera a ser revisados.

2. Lambeck, K., Y. Yokoyama y T. Purcell, «Into and Out of the Last Glacial Maximum: Sea-Level Change During Oxygen Isotope Stages 3 and 2», *Quaternary Science Reviews*, n.º 21, 2002, pp. 343-360.

3. La línea de Wallace fue modificada por T. H. Huxley, contemporáneo de Wallace, que incluyó las islas de Filipinas situadas al este de la línea (con la excepción de Palawan); es su modificación la que aparece en la ilustración al principio de este capítulo.

4. Cooper, A. y C. B. Stringer, «Did the Denisovans Cross Wallace's Line?», *Science* 342, n.º 6156, 2013, pp. 321-323.

5. A esta lista podría añadirse el rinoceronte si se acepta que, con la revisión de Huxley, las Filipinas deberían situarse al este de la línea de Wallace. Véase nota 210, por ejemplo .

6. Foster, J. B., «Evolution of Mammals on Islands», *Nature*, n.º 202, 1964, pp. 234-235.

7. Morwood, M. J. *et al.*, «Stone Artefacts from the 1994 Excavation at Mata Menge, West Central Flores, Indonesia», *Australian Archaeology* 44, n.º 1, 1997, pp. 26-34.

8. Verhoeven hizo una excavación inicial de prueba cerca de la pared oeste en 1950 y acometió otra más ambiciosa en 1965.

9. Morwood, M. J. y P. van Oosterzee, *A New Human: The Startling Discovery and Strange Story of the 'Hobbits' of Flores, Indonesia*, Routledge, Abingdon, 2016.

10. Brown P. *et al.*, «A New Small-Bodied Hominin from the Late Pleistocene of Flores, Indonesia», *Nature* 431, n.º 7012, 2004, pp. 1055-1061.

11. Thomas Sutikna me contó la impresión que se llevó al ver que la dentadura estaba completa, aunque con algunas piezas desgastadas. Se la mostró a su compañero de equipo Rokus Awe Due, más experimentado en huesos faunísticos y humanos, y sin cruzar palabra cayeron en la cuenta de las increíbles implicaciones de su descubrimiento. «No dijimos ni mu —recordaba—, sino que empecé a dibujar el cráneo en papel de calco y se lo envié por fax al profesor Soejono y a Mike.»

12. En latín, «gran agujero»; es el orificio en la base del cráneo por donde pasa la médula espinal y las principales arterias, y que dice mucho a los paleoantropólogos sobre la postura y el bipedismo. Las semillas de mostaza se usan como patrón por su tamaño uniforme y su forma esférica; antes se usaban perdigones, pero este material era inadecuado para viajar por su peso y sus efectos en un fósil frágil. Para medir la capacidad craneal se van introduciendo las semillas de mostaza y se agita suavemente el fósil hasta llenar todo el cráneo. Después se pasan las semillas a unos cilindros de medición para determinar el volumen. Esta operación se repite varias veces para asegurar la fiabilidad de la medición (Brown, comunicación personal).

13. Morwood y Van Oosterzee, 2016.

14. Callaway, E., «The Discovery of *Homo floresiensis*: Tales of the Hobbit», *Nature*, n.º 514, 2014, pp. 422-426. La historia sobre *«floresianus»* procede de Henry Gee.

15. Es frecuente señalar que el esqueleto LB1 pertenecía una mujer y que, por tanto, la imagen no era correcta. Richard «Bert» Roberts, en cuyo edificio de oficinas de la Universidad de Wollongong en Australia cuelga el cuadro original, me contó que a Peter Schouten, el artista, le habían informado de que el esqueleto era probablemente de una mujer, pero que él lo había pintado como hombre tomándose una licencia artística.

16. Brown, P. y M. J. Morwood, «Some Initial Informal Reactions to Publication of the Discovery of *Homo floresiensis* and Replies from Brown and Morwood», *Before Farming*, n.º 4, 2004, pp. 1-7.

17. *The Guardian*, 13 de enero del 2005, <https://www.theguardian.com/science/2005/jan/13/research.science>, consultado el 20/04/2022.

18. Morwood, M. J. *et al.*, «Further Evidence for Small-Bodied Hominins from the Late Pleistocene of Flores, Indonesia», *Nature*, n.º 437, 2005, pp. 1012-1017.

19. Tocheri, M. W. *et al.*, «The Primitive Wrist of *Homo floresiensis* and Its Implications for Hominin Evolution», *Science*, n.º 317, 2007, pp. 1743-1745. Véase una versión popular de parte de este trabajo en Tocheri, M., «Joining in Fellowship with the Hobbits», *AnthroNotes: Museum of Natural History Publication for Educators* 28, n.º 2, 2007, pp. 1-5.

20. Sutikna, T. *et al.*, «Revised Stratigraphy and Chronology for *Homo floresiensis* at Liang Bua in Indonesia», *Nature*, n.º 532, 2016, pp. 366-369.

21. Kaifu, Y. *et al.*, «Unique Dental Morphology of *Homo floresiensis* and Its Evolutionary Implications», *PLoS ONE*, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0141614>, consultado el 20/04/2022.

22. Van den Bergh, G. D. *et al.*, «*Homo floresiensis*-like Fossils from the Early Middle Pleistocene of Flores», *Nature*, n.º 534, 2016, pp. 245-248.

23. Brumm, A. *et al.*, «Hominins on Flores, Indonesia, by One Million Years Ago», *Nature*, n.º 464, 2010, pp. 748-752.

24. Kubo, D., R. Kono y Y. Kaifu, «Brain Size of *Homo floresiensis* and Its Evolutionary Implications», *Proceedings of the Royal Society B*, n.º 280, 2013, 2013.0338.

25. Argue, D. *et al.*, «The Affinities of *Homo floresiensis* Based on Phylogenetic Analyses of Cranial, Dental and Postcranial Characters», *Journal of Human Evo-*

lution, n.º 107, 2017, pp. 107-133.

26. Gómez-Robles, A., «The Dawn of *Homo floresiensis*», *Nature*, n.º 534, 2016, pp. 188-189.

27. Roberts, R. y T. Sutikna, «Michael John Morwood (1950–2013)», *Nature*, n.º 500, 2013, p. 401.

28. Uno de los legados de Mike Morwood fue la tendencia a excavar a mayor profundidad en los yacimientos de la región, por si aparecía más material como los *hobbits* en niveles inferiores.

29. Mijares, A. S. *et al.*, «New Evidence for a 67,000-Year-Old Human Presence at Callao Cave, Luzon, Philippines», *Journal of Human Evolution*, n.º 59, 2010, pp. 123-132.

30. Détroit, F. *et al.*, «A New Species of *Homo* from the Late Pleistocene of the Philippines», *Nature*, n.º 568, 2019, pp. 181-186.

31. Tocheri, M. W., «Previously Unknown Human Species Found in Asia Raises Questions About Early Hominin Dispersals from Africa», *Nature*, n.º 568, 2019, pp. 176-178.

32. *Ibid.*

33. Ingicco, T. *et al.*, «Earliest Known Hominin Activity in the Philippines by 709 Thousand Years Ago», *Nature*, n.º 557, 2018, pp. 233-237.

34. Hay algunas voces discrepantes, p. ej., Bednarik, R. G., «Seafaring in the Pleistocene», *Cambridge Archaeological Journal* 13, n.º 1, 2003, pp. 41-66, y los comentarios que contiene.

35. Dennell, R., *From Arabia to the Pacific: How Our Species Colonised Asia*, Routledge, Oxford, 2020.

36. Van den Bergh, G. *et al.*, «Earliest Hominin Occupation of Sulawesi, Indonesia», *Nature*, n.º 529, 2016, pp. 208-211.

1. Reich, D. *et al.*, «Genetic History of an Archaic Hominin Group from Denisova Cave in Siberia», *Nature*, n.º 468, 2010, pp. 1053-1060.

2. Cooper, A. y C. B. Stringer, «Did the Denisovans Cross Wallace's Line?», *Science* 342, n.º 6156, 2013, pp. 321-323.

3. Reich, D. *et al.*, «Denisova Admixture and the First Modern Human Dispersals into Southeast Asia and Oceania», *American Journal of Human Genetics*, n.º 89, 2011, pp. 516-528.

4. Oceanía Cercana es un término que designa la zona que estuvo poblada por humanos desde hace ~35 000-40 000 años y abarca las islas occidentales de Mela-

nesia, el archipiélago de Bismarck y las islas Salomón.

5. Cooper y Stringer, 2013.

6. Qin, P. y M. Stoneking, «Denisovan Ancestry in East Eurasian and Native American Populations», *Molecular Biology and Evolution* 32, n.º 10, 2015, pp. 2665-2674.

7. *Ibid.*

8. Creo que la muestra podría ser un poco más antigua. Intenté tomar una nueva muestra del hueso una vez llegué a Pekín, con la intención de establecer una datación más fiable, pero el conservador a cargo me negó el permiso, así que me fui con las manos vacías. Mi opinión es que la antigüedad que manejamos actualmente es lo que se llama una «antigüedad mínima», y que es probable que Tianyuan tenga por lo menos 42 000 años.

9. Entre los modernos figuraba un inuit que por lo habitual iba calzado, un estadounidense de Nuevo México (cadáver) y un nativo americano prehistórico que solía ir descalzo.

10. Trinkaus, E. y H. Shang, «Anatomical Evidence for the Antiquity of Human Footwear: Tianyuan and Sunghir», *Journal of Archaeological Science* 35, n.º 7, 2008, pp. 1928-1933.

11. La evidencia directa más antigua es un zapato de cuero que mi equipo dató en el 2009 en la cueva de Areni, un yacimiento de Armenia; el zapato databa de hacia el 3600 a. C. En el yacimiento de la cueva de Fort Rock, en Oregón (EE. UU.), se encontró una modalidad anterior de calzado, una sandalia de fibra de artemisa de 9000-13 000 años de antigüedad, según la datación. Estos hallazgos solo fueron posibles gracias a unas condiciones excepcionales de conservación.

12. El cromosoma 21 es el cromosoma más pequeño y consta de 47 millones de parejas de bases (el cromosoma más grande, el cromosoma 1, es más de cinco veces mayor).

13. Browning, S. R. *et al.*, «Analysis of Human Sequence Data Reveals Two Pulses of Archaic Denisovan Admixture», *Cell* 173, n.º 1, 2018, pp. 53-61.

14. El análisis de secciones arcaicas del ADN de más de 4000 individuos en la Biobase 10K del Reino Unido duró menos de cuatro horas.

15. <www.internationalgenoma.org/>.

16. Prüfer, K. *et al.*, «A High-Coverage Neandertal Genome from Vindija Cave in Croatia», *Science*, n-º 358, pp. 655-658.

17. Moore, C., *New Guinea: Crossing Boundaries and History*, University of Hawai'i Press, Honolulu, 2003.

18. Palmer, B. (ed.), *The Languages and Linguistics of the New Guinea Area: A Comprehensive Guide (The World of Linguistics 4)*, De Gruyter Mouton, Berlín, 2018.

19. Bergström, A. *et al.*, «A Neolithic Expansion, But Strong Genetic Structure, in the Independent History of New Guinea», *Science*, n.° 357, 2017, pp. 1160-1163.

20. Jacobs, G. *et al.*, «Multiple Deeply Divergent Denisovan Ancestries in Papuans», *Cell* 177, n.° 4, 2019, pp. 1010-1021. El equipo está dirigido por Murray Cox y trabaja en colaboración con el equipo del Proyecto Diversidad del Genoma Indonesio (IGDP) del Instituto Eijkman de Yakarta, que aspira a ampliar los conocimientos sobre los datos genéticos de los indonesios.

21. Massilani, D. *et al.*, «Denisovan Ancestry and Population History of Early East Asians», *bioRxiv* 2020.06.03.131995, <https://doi.org/10.1101/2020.06.03.131995>, consultado el 20/04/2022.

22. Yang, M. A. *et al.*, «40,000-Year-Old Individual from Asia Provides Insight into Early Population Structure in Eurasia», *Current Biology* 27, n.° 20, 2017, pp. 3202-3208.

23. Según se calculó, hace entre 9750 y 12 500 generaciones (280 000-360 000 años).

24. Jacobs *et al.*, 2019.

25. Malaspinas, A.-S. *et al.*, «A Genomic History of Aboriginal Australia», *Nature*, n.° 538, 2016, pp. 207-214.

26. GenomeAsia100K Consortium 2019, «The GenomeAsia 100K Project Enables Genetic Discoveries Across Asia», *Nature* 576, n.° 7785, 2019, pp. 106-111.

27. Bouckaert, R. R., C. Bowern y Q. D. Atkinson, «The Origin and Expansion of Pama–Nyugan Languages Across Australia», *Nature Ecology and Evolution*, n°. 2, 2018, pp. 741-749.

28. Clarkson, C. *et al.*, «Human Occupation of Northern Australia by 65,000 Years Ago», *Nature*, n.° 547, 2017, pp. 306-310.

29. O'Connell, J. F. y J. Allen, «The Process, Biotic Impact, and Global Implications of the Human Colonization of Sahul About 47,000 Years Ago», *Journal of Archaeology Science*, n.° 56, 2015, pp. 73-84; Wood, R., «Comments on the Chronology of Madjedbebe», *Australian Archaeology* 83, n.° 3, 2017, pp. 172-174.

30. Bird, M. I. *et al.*, «Early Human Settlement of Sahul was Not an Accident», *Scientific Reports*, n.º 9, 2019, p. 8220.

31. Thorne, A. G. y P. G. Macumber, «Discoveries of Late Pleistocene Man at Kow Swamp, Australia», *Nature*, n.º 238, 1972, pp. 316-319.

32. Es frecuente que cuando se encuentran restos humanos sea la policía la que intervenga primero, y después los arqueólogos si se ha establecido que el esqueleto es probablemente antiguo y carece de importancia forense.

33. Flood, J., *Archaeology of the Dreamtime: The Story of Prehistoric Australia and Its People*, HarperCollins, Londres, 1995.

34. Stone, T. y M. L. Cupper, «Last Glacial Maximum Ages for Robust Humans at Kow Swamp, Southern Australia», *Journal of Human Evolution*, n.º 45, 2003, pp. 99-111.

35. Bowler, J. M. *et al.*, «Pleistocene Human Remains from Australia: A Living Site and Human Cremation from Lake Mungo, Western New South Wales», *World Archaeology* 2, n.º 1, 1970, pp. 39-60.

36. Olley, J. M. *et al.*, «Single-Grain Optical Dating of Grave-Infill Associated with Human Burials at Lake Mungo, Australia», *Quaternary Science Reviews* 25, n.º 19-20, 2006, pp. 2469-2474.

37. Westaway, M. C. y C. P. Groves, «The Mark of Ancient Java is on None of Them», *Archaeology in Oceania*, n.º 44, 2009, pp. 84-95.

38. *Ibid.*

39. Hiscock, P., *Archaeology of Ancient Australia*, Routledge, Oxford, 2008.

40. Adcock, G. J. *et al.*, «Mitochondrial DNA Sequences in Ancient Australians: Implications for Modern Human Origins», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 98, n.º 2, 2001, pp. 537-542.

41. Heupink, T. H. *et al.*, «Ancient DNA Sequences from the First Australians Revisited», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 113, n.º 25, 2016, pp. 6892-6897.

42. Mulvaney, D. J., «Past Regained, Future Lost: The Kow Swamp Pleistocene Burials», *Antiquity* 65, n.º 246, 1991, pp. 12-21; Bowdler, S., «Unquiet Slumbers: The Return of the Kow Swamp Burials», *Antiquity* 66, n.º 250, 1992, pp. 103-106.

43. Gelder, K. y J. M. Jacobs, *Uncanny Australia: Sacredness and Identity in a Postcolonial Nation*, Melbourne University Publishing, Melbourne, 1994.

44. *Sidney Morning Herald*, 18 de diciembre del 2018.

45. Jacobs *et al.*, 2019; Malaspinas *et al.*, 2016.

46. Se calcula que hace 55 000-84 000 años. Véase nota 230.

47. O'Connor, S. *et al.*, «Hominin Dispersal and Settlement East of Huxley's Line: The Role of Sea Level Changes, Island Size, and Subsistence Behavior», *Current Anthropology* 58, supl. 17, 2017, pp. S567-S582.

48. Bradshaw, C. J. A. *et al.*, «Minimum Founding Populations for the First Peopling of Sahul», *Nature Ecology and Evolution*, n.° 3, 2019, pp. 1057-1063.

49. *Ibid.*

50. Clarkson *et al.*, 2017.

51. O'Connell, J. F. *et al.*, «When Did *Homo sapiens* First Reach Southeast Asia and Sahul», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 115, n.° 34, 2018, pp. 8482-8490.

52. Dortch, J. y A.-S. Malaspinas, «Madjedbebe and Genomics Histories of Aboriginal Australia», *Australian Archaeology* 83, n.° 3, 2017, pp. 174-177.

53. Cooper y Stringer, 2013.

1. Prüfer, K. *et al.*, «A High-Coverage Neandertal Genome from Vindija Cave in Croatia», *Science*, n.° 358, 2017, pp. 655-658.

2. Trinkaus, E. y P. Shipman, *The Neandertals: Changing the Image of Mankind*, Pimlico, Londres, 1993.

3. Shipman, P., *The Man Who Found the Missing Link: The Extraordinary Life of Eugène Dubois*, Weidenfeld and Nicholson, Londres, 2001.

4. Zaim, Y. *et al.*, «New 1.5 Million-Year-Old *Homo erectus* Maxilla from Sangiran (Central Java, Indonesia)», *Journal of Human Evolution*, n.° 61, 2011, pp. 363-376.

5. Gathogo, P. N. y F. H. Brown, «Revised Stratigraphy of Area 123, Koobi Fora, Kenya, and New Age Estimates of Its Fossil Mammals, Including Hominins», *Journal of Human Evolution* 51, n.° 5, 2006, pp. 471-479.

6. Dennell, R. y W. Roebroeks, «An Asian Perspective on Early Human Dispersal from Africa», *Nature*, n.° 438, 2006, pp. 1099-1104.

7. El antiguo profesor de Von Koenigswald, F. Broili, había recibido un comunicado del Servicio Geológico Neerlandés donde se preguntaba si alguno de sus alumnos estaría interesado en ir a Java para trabajar en un equipo paleontológico. Von Koenigswald aprovechó la oportunidad y se presentó en Java a los veintinueve años, la misma edad a la que había llegado Dubois.

8. Tobias, P. V., «The Life and Times of Ralph von Koenigswald: Palaeontologist Extraordinary», *Journal of Human Evolution* 5, n.° 5, 1976, pp. 403-412.

9. Franzen, J., «G. H. R. von Koenigswald and Asia – An Obituary», *Asian Perspectives* 25, n.º 2, 1984, pp. 43-51.

10. Matsu'ura, S. *et al.*, «Age Control of the First Appearance Datum for Javanese *Homo erectus* in the Sangiran Area», *Science*, n.º 367, 2020, pp. 210-214.

11. Von Koenigswald, G. H. R. y F. Weidenreich, «Discovery of an Additional *Pithecanthropus* Skull», *Nature*, n.º 142, 1938, p. 715.

12. Thorne, A. G. y M. H. Wolpoff, «Regional Continuity in Australasian Pleistocene Hominid Evolution», *American Journal of Physical Anthropology*, n.º 55, 1981, pp. 337-349.

13. En el 2016, ochenta años después del primer descubrimiento de Von Koenigswald, un aldeano llamado Setu Wiryorejo encontró otro cráneo de *Homo erectus* en un terreno rocoso de Sangiran. Lo extrajo con una palanca antes de darse cuenta de lo que era, y después lo donó al museo local. Como recompensa recibió 1800 dólares.

14. Su trabajo en Java se cuenta de primera mano en Swisher III, C. C., G. H. Curtis y R. Lewin, *Java Man: How Two Geologists Changed Our Understanding of Human Evolution*, Chicago University Press, Chicago, 2000.

15. Los métodos usados fueron la resonancia electrónica de espín (REE) y las series de uranio. La REE es un método de descarga atrapada. Las partículas con radioactividad natural de los sedimentos (principalmente uranio, potasio y torio) emiten radiaciones de bajo nivel. Ciertos minerales del suelo reaccionan a esta radiación ionizante y los electrones dentro de sus retículas de cristal pasan a estados superiores de energía. La datación es posible cuando se mide esta energía acumulada y se compara con la llamada «tasa de dosis», que es la radiación natural presente en el sedimento. En arqueología, este método se emplea principalmente con el esmalte dental.

16. Swisher III, C. C. *et al.*, «Latest *Homo erectus* of Java: Potential Contemporaneity with *Homo sapiens* in Southeast Asia», *Science*, n.º 274, 1996, pp. 1870-1874.

17. *Ibid.*

18. Storm, P. *et al.*, «Late Pleistocene *Homo sapiens* in a Tropical Rainforest Fauna in East Java», *Journal of Human Evolution* 49, n.º 4, 2005, pp. 536-545.

19. Westaway, K. E. *et al.*, «Age and Biostratigraphic Significance of the Punung Rainforest Fauna, East Java, Indonesia, and Implications for *Pongo* and *Homo*», *Journal of Human Evolution* 53, n.º 6, 2007, pp. 709-717.

20. Véase el capítulo 2, nota 42.

21. Kaifu, Y., H. Baba y F. Aziz, «Indonesian *Homo erectus* and Modern Human Origins in Australasia: New Evidence from the Sambungmacan Region, Central Java», en Tomida, Y. *et al.* (eds.), *Proceedings of the 7th and 8th Symposia on Collection Building and Natural History Studies in Asia and the Pacific Rim* (National Science Museum Monographs, 34), National Science Museum, Tokio, 2006, pp. 289-294.

22. Delson, E. *et al.*, «The Sambungmacan 3 *Homo erectus* Calvaria: A Comparative Morphometric and Morphological Analysis», *Anatomical Record*, n.º 262, 2001, pp. 380-397.

23. Al frente del equipo de investigación está Chris Turney de la Universidad de Nueva Gales del Sur.

24. Turney, C. S. M. *et al.*, «Late Survival of Multiple Hominin Species in Island Southeast Asia» (manuscrito enviado para publicación).

25. Browning, S. R. *et al.*, «Analysis of Human Sequence Data Reveals Two Pulses of Archaic Denisovan Admixture», *Cell* 173, n.º 1, 2018, pp. 53-61.

26. Lawson, D. J., L. van Dorp y D. Falush, «A Tutorial on How Not to Over-Interpret STRUCTURE and ADMIXTURE Bar Plots», *Nature Communications*, n.º 9, 2018 (3258).

1. Sagan, C., *The Varieties of Scientific Experience: A Personal View of the Search for God*, Penguin, Harmondsworth, 2006.

2. Sutikna, T. *et al.*, «The Spatio-Temporal Distribution of Archaeological and Faunal Finds at Liang Bua (Flores, Indonesia) in Light of the Revised Chronology for *Homo floresiensis*», *Journal of Human Evolution*, n.º 124, 2018, pp. 52-72.

3. Tucci, S. *et al.*, «Evolutionary History and Adaptation of a Human Pygmy Population of Flores Island, Indonesia», *Science*, n.º 361, 2018, pp. 511-516.

4. Gravina, B., P. Mellars y C. Ramsey, «Radiocarbon Dating of Interstratified Neanderthal and Early Modern Human Occupations at the Châtelperronian Type-Site», *Nature*, n.º 438, 2005, pp. 51-56; Zilhão, J. *et al.*, «Grotte des Fées (Châtelperron): History of Research, Stratigraphy, Dating, and Archaeology of the Châtelperronian Type-Site», *PalaeoAnthropology* 2008, pp. 1-42; Riel-Salvatore, J., A. E. Miller y G. A. Clark, «An Empirical Evaluation of the Case for a Châtelperronian-Aurignacian Interstratification at Grotte des Fées de Châtelperron», *World Archaeology* 40, n.º 4, 2008, pp. 480-492.

5. Finlayson, C. *et al.*, «Gorham's Cave, Gibraltar – The Persistence of a Neanderthal Population», *Quaternary International* 181, n.º 1, 2008, pp. 64-71.

6. Finlayson, C. *et al.*, «Late Survival of Neanderthals at the Southernmost Extreme of Europe», *Nature*, n.º 443, 2006, pp. 850-853.

7. Las dataciones por radiocarbono fluctuaban entre 23 000 y 33 000 AP, que en años calendáricos equivalen a hace entre 27 000 y 37 000 años.

8. Banks, W. E. *et al.*, «Neanderthal Extinction by Competitive Exclusion», *PLoS ONE* 3, n.º 12, 2008, e3972.

9. Wood, R. E. *et al.*, «Radiocarbon Dating Casts Doubts on the Late Chronology of the Middle to Upper Palaeolithic Transition in Southern Iberia», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 110, n.º 8, 2013, pp. 2781-2786.

10. Pinhasi, R. *et al.*, «Revised Age of Late Neanderthal Occupation and the End of the Middle Paleolithic in the Northern Caucasus», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 108, n.º 21, 2011, pp. 8611-8616.

11. Higham, T. F. G., «European Middle and Upper Palaeolithic Radiocarbon Dates are Often Older Than They Look: Problems with Previous Dates and Some Remedies», *Antiquity* 85, n.º 327, 2011, pp. 235-249.

12. Higham, T. F. G. *et al.*, «The Timing and Spatiotemporal Patterning of Neanderthal Disappearance», *Nature*, n.º 512, 2014, pp. 306-309.

13. Trinkaus, E., S. Constantin y J. Zilhão (eds.), *Life and Death at the Peştera cu Oase: A Setting for Modern Human Emergence in Europe*, Oxford University Press, Oxford, 2013.

14. Al frente de los trabajos estaba Erik Trinkaus de la Universidad Washington en San Luis.

15. Trinkaus, E. *et al.*, «An Early Modern Human from the Peştera cu Oase, Romania», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 100, n.º 20, 2003, pp. 11231-11236.

16. No podemos ser más precisos por la manera en que nuestro ADN se hereda de generaciones cada vez más antiguas. Obtenemos por término medio el 50 por ciento de nuestro ADN de cada uno de nuestros padres. De nuestros abuelos recibimos proporciones algo distintas: entre el 23 y el 27 por ciento; de nuestros bisabuelos, unas proporciones con parecida diferencia: del 9,3 al 14 por ciento, y lo mismo de nuestros tatarabuelos. Por eso al calcular la ascendencia solo podemos establecer un cálculo de cuatro a seis generaciones que equivale al 6-9 por ciento de ADN neandertal.

17. Fu, Q. *et al.*, «An Early Modern Human from Romania with a Recent Neanderthal Ancestor», *Nature* 524, n.º 7564, 2015, pp. 216-219.

18. Benazzi, S. *et al.*, «Early Dispersal of Modern Humans in Europe and Implications for Neanderthal Behaviour», *Nature*, n.º 479, 2011, pp. 525-528.

19. Hublin, J.-J. *et al.*, «Initial Upper Palaeolithic *Homo sapiens* from Bacho Kiro Cave, Bulgaria», *Nature*, n.º 581, 2020, pp. 299-302.

20. Hajdinjak, M. *et al.*, «Reconstructing the Genetic History of Late Neanderthals», *Nature*, n.º 555, 2018, pp. 652-656.

21. Es posible que algunos de los neandertales tardíos analizados daten de un período anterior al establecido por las dataciones actuales y procedan por tanto del período previo a la presencia de humanos modernos en Europa.

22. Mellars, P., «Neanderthals and the Modern Human Colonization of Europe», *Nature*, n.º 432, 2004, pp. 461-465.

23. Giaccio, B. *et al.*, «High-Precision 14C and 10Ar/39Ar Dating of the Campanian Ignimbrite (Y-5) Reconciles the Time-Scales of Climatic-Cultural Processes at 40 ka», *Scientific Reports* 7 (45940), <https://doi.org/10.1038/srep45940>, consultado el 21/04/2022.

24. Llamamos a esta erupción la Ignimbrita Campana.

25. Sinitsyn, A. A., «A Paleolithic "Pompeii" at Kostenki, Russia», *Antiquity* 77, n.º 295, 2003, pp. 9-14.

26. Golovanova, L. V. *et al.*, «Significance of Ecological Factors in the Middle to Upper Paleolithic Transition», *Current Anthropology* 51, n.º 5, 2010, pp. 655-691.

27. Black, B. A., R. R. Neely y M. Manga, «Campanian Ignimbrite Volcanism, Climate, and the Final Decline of the Neanderthals», *Geology* 43, n.º 5, 2015, pp. 411-414.

28. Underdown, S., «A Potential Role for Transmissible Spongiform Encephalopathies in Neanderthal Extinction», *Medical Hypotheses* 71, n.º 1, 2008, pp. 4-7.

29. Whitfield, J. T. *et al.*, «Mortuary Rites of the South Fore and Kuru», *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, n.º 363, 2008, pp. 3721-3724.

30. Alpers, M. P., «A History of Kuru», *Papua and New Guinea Medical Journal* 50, n.º 1-2, 2007, pp. 10-19.

31. Riel-Salvatore, J., «Mad Neanderthal Disease? Some Comments on a "Potential Role for Transmissible Spongiform Encephalopathies in Neandertal Extinction"», *Medical Hypotheses* 71, n.º 3, 2008, pp. 473-474.

32. Valet, J.-P. y H. Valladas, «The Laschamp-Mono Lake Geomagnetic Events and the Extinction of Neanderthal: A Casual Link or a Coincidence?», *Quaternary Science Reviews* 29, n.º 27-28, 2010, pp. 3887-3893.

33. Mellars, P. y J. C. French, «Tenfold Population Increase in Western Europe at the Neanderthal-to-Modern Human Transition», *Science*, n.º 333, 2011, pp. 623-627.

34. Dogandžic, T. y S. P. McPherron, «Demography and the Demise of Neandertals: A Comment on "Tenfold Population Increase in Western Europe at the Neandertal-to-Modern Human Transition"», *Journal of Human Evolution*, n.º 64, 2013, pp. 311-313.

35. Li, H. y R. Durbin, «Inference of Human Population History from Individual Whole-Genome Sequences», *Nature*, n.º 475, 2011, pp. 493-496.

36. Prüfer, K. *et al.*, «The Complete Genome Sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains», *Nature* 505, n.º 7481, 2014, pp. 43-49.

37. Estos casos suelen indicarse con dos letras mayúsculas (XX) para los alelos dominantes y dos letras minúsculas (xx) para los alelos recesivos.

38. Un neandertal del yacimiento de Chagyrskaya, en el Altái, presentaba también una significativa homocigosidad. Casi el 13 por ciento de su genoma era homocigótico, lo que denota que aquella persona vivía en un grupo pequeño de no más de 60 individuos (véase Mafessoni *et al.*, 2020, nota 310). Parece probable que la población neandertal de Altái fuera singularmente pequeña. Esto podría deberse a que una población fundante más pequeña se trasladó hasta allí desde el occidente, y quizá por eso no consiguió mantener su presencia. Según las dataciones de Chagyrskaya, los neandertales desaparecieron de allí hace unos 60 000 años. Otro genoma neandertal de alta cobertura, en esta ocasión de Vindija en Croacia, también contenía baja heterocigosidad, aunque no presentaba tramos tan altos de homocigosidad, lo que sugiere que su endogamia era menor que la de la neandertal de Altái (véase en el capítulo 5, nota 116).

39. Meyer, M. *et al.*, «A High-Coverage Genome Sequence from an Archaic Denisovan Individual», *Science*, n.º 338, 2012, pp. 222-226; Mafessoni, F. *et al.*, «A High-Coverage Neandertal Genome from Chagyrskaya Cave», *bioRxiv* (2020.03.12.988956), <https://doi.org/10.1101/2020.03.12.988956>, consultado el 21/04/2022.

40. Es sumamente difícil calcular el tamaño de las poblaciones antiguas. El análisis más detallado es Bocquet-Appel, J. P. y A. Degioanni, «Neanderthal Demographic Estimates», *Current Anthropology* 54, n.º 8, 2013, pp. S202-S213, cuyos autores muestran los rangos de tamaño de las poblaciones neandertales basándose en nueve escenarios diferentes de entre 5000 y 70 000 individuos. Un trabajo más reciente basado en datos del genoma nuclear sugiere que el extremo inferior del rango es el más probable. Prüfer *et al.* (2014), por ejemplo, han establecido

una cifra de 1000-5000 individuos basándose en la homocigosidad del neandertal de Altái y utilizando el modelo coalescente markoviano secuencial por pares (PSMC) de Li y Durbin (2011); este método parece predecir bastante bien las historias poblacionales de varias poblaciones conocidas. Rogers, A. R. *et al.*, «Early History of Neanderthals and Denisovans», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 114, n.º 37, 2017, pp. 9859-9863 detalla un método algo diferente basado en diferentes árboles genéticos y períodos de división entre poblaciones. Sus autores calcularon una población de 15 000 neandertales, pero este dato fue criticado en Mafessoni, F. y K. Prüfer, «Better Support for a Small Effective Population Size of Neandertals and a Long Shared History of Neandertals and Denisovans», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 114, n.º 48, 2017, pp. E10256-E10257, cuyos autores argumentaron que este método no concordaba con la evidencia obtenida de los genomas de baja cobertura publicados con anterioridad. Tomada en conjunto, la evidencia actual apunta a que el cálculo más probable es una población de entre 1000 y 5000, pero con la salvedad de que la obtención de más datos genéticos de alta cobertura podría modificar algo estas cifras. Véase también Prüfer, K. *et al.* 2017. «A High-Coverage Neandertal Genome from Vindija Cave in Croatia». *Science* 358, pp. 655–658.

41. Prüfer *et al.*, 2017.

42. Fu, Q. *et al.*, «The Genome Sequence of a 45,000-Year-Old Modern Human from Western Siberia», *Nature*, n.º 514, 2014, pp. 445-449.

43. Los tres enterramientos principales contenían una gran variedad de ornamentos, cuentas y dientes de animales perforados. El cadáver Sungir I contenía unas 3000 cuentas de marfil de mamut, probablemente cosidas a la ropa. Sungir II tenía colgantes zoomorfos, brazaletes de marfil y una gran talla de mamut, y se hallaba cubierto con unas 5000 cuentas de marfil de mamut y unos 250 caninos de zorro ártico. Sungir III exhibía una decoración similar; sobre el esqueleto y en sus proximidades se encontraron unas 5400 cuentas de marfil (véase nota 314).

44. Sikora, M. *et al.*, «Ancient Genomes Show Social and Reproductive Behavior of Early Upper Paleolithic Foragers», *Science*, n.º 358, 2017, pp. 659-662.

45. El modo de determinarlo se basa en que en poblaciones pequeñas la selección natural es menos eficaz suprimiendo mutaciones perjudiciales. Un sistema para medirlo consiste en estudiar las sustituciones no sinónimas del genoma; se denomina así a aquellas sustituciones que introducen una sola mutación en un nucleótido que cambia la expresión de una proteína, lo que lógicamente produce un efecto grave. Si se obtiene la ratio entre sustituciones no sinónimas y sinónimas, puede determinarse el grado de efectividad de la selección natural para su-

primir estas mutaciones y efectuar una evaluación indirecta del tamaño de la población en el pasado, toda vez que las poblaciones grandes se ven afectadas por menos sustituciones no sinónimas (véase Meyer *et al.* 2012).

46. Pearce, E., «Neanderthals and *Homo sapiens*: Cognitively Different Kinds of Human?», en Di Paolo, L. D., F. Di Vincenzo y F. De Petrillo (eds.), *Evolution of Primate Social Cognition*, Springer, Cham, 2018, pp. 181-196.

47. Vaesen, K. *et al.*, «Inbreeding, Allee Effects and Stochasticity Might be Sufficient to Account for Neanderthal Extinction», *PLoS ONE* 14, n.º 11, 2019, e0225117.

48. Kolodny, O. y M. Feldman, «A Parsimonious Neutral Model Suggests Neanderthal Replacement was Determined by Migration and Random Species Drift», *Nature Communications* 8, 2017, p. 1040.

1. Simonti, C. N. *et al.*, «The Phenotypic Legacy of Admixture Between Modern Humans and Neandertals», *Science*, n.º 351, 2016, pp. 737-741.

2. El Biobank cuenta con una base de datos en línea en <http://geneatlas.roslin.ed.ac.uk/> que permite a los visitantes buscar fenotipos específicos y explorar los resultados de la asociación de todo el genoma para más de 30 millones de variantes genéticas. Canela-Xandri, O., K. Rawlik y A. Tenesa, «An Atlas of Genetic Associations in UK Biobank», *Nature Genetics*, n.º 50, 2018, pp. 1593-1599.

3. Este trabajo lo llevaron a cabo Michael Dannemann y Janet Kelso en el Max Planck de Leipzig.

4. Dannemann, M. y J. Kelso, «The Contribution of Neanderthals to Phenotypic Variation in Modern Humans», *American Journal of Human Genetics* 101, n.º 4, 2017, pp. 578-589.

5. Lalueza-Fox, C. *et al.*, «A Melanocortin I Receptor Allele Suggests Varying Pigmentation Among Neanderthals», *Science*, n.º 318, 2007, pp. 1453-1455.

6. Robles, C. *et al.*, «The Impact of Neanderthal Admixture on the Genetic Architecture of Complex Traits» (manuscrito en revisión/envío).

7. Soy, sin duda, una persona matutina. Mi ADN, según el estudio de la compañía biotecnológica estadounidense 23andMe, sugiere lo mismo, con una predecible hora media de despertar a las 7.05. La mayor parte de este libro se escribió entre las 5.30 y las 8.30, la franja horaria en que estoy más despierto y alerta.

8. Pearce, E., «The Effects of Latitude on Hominin Social Network Maintenance» (tesis de doctorado en Filosofía no publicada), Universidad de Oxford, 2013.

9. Sankararaman, S. *et al.*, «The Genomic Landscape of Neanderthal Ancestry in Present-Day Humans», *Nature*, n.º 507, 2014, pp. 354-357.

10. El mecanismo de liberación de la diabetes tipo 2 es una proteína que desplaza determinados lípidos, o ácidos grasos, hasta el hígado. En un estudio publicado en el 2014, la Iniciativa Slim en Medicina Genómica para las Américas, o SIGMA, encontró mediante la realización de análisis a más de 8200 individuos mexicanos y de otros países latinoamericanos en los que dos genes codificadores de proteínas (SLC16A11 y SLC16A13) estaban estrechamente correlacionados con la diabetes tipo 2 (los latinoamericanos portan más o menos la misma cantidad de ADN neandertal que los euroasiáticos). Los niveles variables de la proteína SLC16A11 influyen en la presencia de un tipo de grasa implicado en la enfermedad. SIGMA Type 2 Diabetes Consortium, Williams A. L. *et al.*, «Sequence Variants in SLC16A11 are a Common Risk Factor for Type 2 Diabetes in Mexico», *Nature* 506, n.° 7486, 2014, pp. 91-101.

11. Fu, Q. *et al.*, «The Genetic History of Ice Age Europe», *Nature*, n.° 534, 2016, pp. 200-205.

12. Petr, M. *et al.*, «Limits of Long-Term Selection Against Neandertal Introgression», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 116, n.° 5, 2019, pp. 1639-1644.

13. La forma del cerebro resultante de su reconstrucción desde el interior del cráneo.

14. Gunz, P. *et al.*, «Neandertal Introgression Sheds Light on Modern Human Endocranial Globularity», *Current Biology* 29, n.° 1, 2019, pp. 120-127.

15. Mallick, S. *et al.*, «The Simons Genome Diversity Project: 300 Genomes from 142 Diverse Populations», *Nature*, n.° 538, 2016, pp. 201-206.

16. Chen, L. *et al.*, «Identifying and Interpreting Apparent Neanderthal Ancestry in African Individuals», *Cell* 180, n.° 4, 2020, pp. 677-687. Las proporciones establecidas por Chen *et al.* concuerdan con las proporciones bajas de ADN neandertal documentadas previamente por otros investigadores, por ejemplo, en el Proyecto 1000 Genomas y en Prüfer, K. *et al.*, «The Complete Genome Sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains», *Nature* 505, n.° 7481, 2014, pp. 43-49.

17. Zammit, N. W. *et al.*, «Denisovan, Modern Human and Mouse TNFAIP3 Alleles Tune A20 Phosphorylation and Immunity», *Nature Immunology*, n.° 20, 2019, pp. 1299-1310.

18. Almarri, M. *et al.*, «Population Structure, Stratification, and Introgression of Human Structural Variation», *Cell* 182, 2020, pp. 189-199.

19. Wu, T. *et al.*, «Hemoglobin Levels in Qinghai-Tibet: Different Effects of Gender for Tibetans vs. Han», *Journal of Applied Physiology* 98, n.º 2, 2005, pp. 598-604.

20. Estos niveles bajos de hemoglobina en sangre parecen extraños, porque cuando las personas no habituadas a vivir a grandes altitudes suben a cotas más elevadas, se aclimatan reduciendo lentamente el nivel de hemoglobina en sangre. Los tibetanos, sin embargo, presentan niveles más bajos, probablemente, porque el incremento de los niveles de hemoglobina comporta riesgos asociados al aumento de viscosidad de la sangre y problemas cardíacos, incluso un posible paro. Véase nota 338.

21. Niermeyer, S. *et al.*, «Arterial Oxygen Saturation in Tibetan and Han Infants Born in Lhasa, Tibet», *New England Journal of Medicine*, n.º 333, 1995, pp. 1248-1252.

22. Moore, L. G., «Human Genetic Adaptation to High Altitude», *High Altitude Medicine & Biology* 2, n.º 2, 2001, pp. 257-279.

23. Como con muchas proteínas, el acrónimo corresponde a un nombre complejo: *Endothelial PAS domain-containing protein 1.*

24. Los exomas son los genes que codifican la producción de proteínas. Al frente del equipo estaba Emilia Huerta-Sánchez, ahora en la Universidad Brown.

25. Huerta-Sanchez E. *et al.*, «Altitude Adaptation in Tibetans Caused by Introgression of Denisovan-Like DNA», *Nature*, n.º 512, 2014, pp. 194-197.

26. Véase la entrevista con Emilia Huerta-Sanchez del 29 de mayo del 2019 en <https://insitome.libsyn.com/natural-selection-and-deep-learning>, consultado el 21/04/2022.

27. Yi, X. *et al.*, «Sequencing of 50 Human Exomes Reveals Adaptation to High Altitude», *Science*, n.º 329, 2010, pp. 75-78.

28. Miao, B., Z. Wang y Y. Li, «Genomic Analysis Reveals Hypoxia Adaptation in the Tibetan Mastiff by Introgression of the Gray Wolf from the Tibetan Plateau», *Molecular Biology and Evolution* 34, n.º 3, 2017, pp. 734-743.

29. Chen, N. *et al.*, «Whole-Genome Resequencing Reveals World-Wide Ancestry and Adaptive Introgression Events of Domesticated Cattle in East Asia», *Nature Communications*, n.º 9, 2018, p. 2337; Wu, D.-D. *et al.*, «Pervasive Introgression Facilitated Domestication and Adaptation in the *Bos* Species Complex», *Nature Ecology and Evolution*, n.º 2, 2018, pp. 1139-1145.

30. Zhang, X. L. *et al.*, «The Earliest Human Occupation of the High-Altitude Tibetan Plateau 40 Thousand to 30 Thousand Years Ago», *Science*, n.º 362, 2018,

pp. 1049-1051.

31. Racimo, F. *et al.*, «Archaic Adaptive Introgression in *TBX15/WARS2*», *Molecular Biology and Evolution* 34, n.° 3, 2017, pp. 509-524.

1. Green, E. R. *et al.,* «A Draft Sequence of the Neandertal Genome», Science, n.° 328, 2010, pp. 710-722.

2. Grün, R. *et al.,* «Dating the Skull from Broken Hill, Zambia, and Its Position in Human Evolution», Nature, n.° 580, 2020, pp. 372-375.

3. Rogers, J. *et al.,* «The Comparative Genomics and Complex Population History of Papio Baboons», Sciences Advances 5 (eaau6947).

4. Ackermann, R. R. *et al.,* «Hybridization in Human Evolution: Insights from Other Organisms», Evolutionary Anthropology 28, n.° 4, 2019, pp. 189-209.

5. *Ibid.*

6. Entre las anomalías dentales figuran dientes adicionales, así como rotados, y con junturas, cúspides y alineaciones anómalas.

7. Hajdinjak, M. *et al.,* «Reconstructing the Genetic History of Late Neanderthals», Nature, n.° 555, 2018, pp. 652-656.

8. Kaifu, Y. *et al.,* «Unique Dental Morphology of Homo floresiensis and Its Evolutionary Implications», PLoS ONE, 2015, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0141614>, consultado el 21/04/2022.

9. Martinón-Torres, M. *et al.,* «Homo sapiens in the Eastern Asian Late Pleistocene», Current Anthropology 58, supl. 17, 2017, pp. S434-S448.

10. Kolobova, K. A. *et al.,* «Archaeological Evidence for Two Separate Dispersals of Neanderthals into Southern Siberia», Proceedings of the National Academy of Sciences 117, n.° 6, 2020, pp. 2879-2885; Meyer, M. *et al.,* «A High-Coverage Genome Sequence from an Archaic Denisovan Individual», Science, n.° 338, 2012, pp. 222-226.

11. Peter, B. M., «100,000 Years of Gene Flow Between Neandertals and Denisovans in the Altai Mountains», bioRxiv (2020.03.13.990523), 2020, <https://doi.org/10.1101/2020.03.13.990523>, consultado el 21/04/2022.

12. Allen, R. *et al.,* «A Mitochondrial Genetic Divergence Proxy Predicts the Reproductive Compatibility of Mammalian Hybrids», Proceedings of the Royal Society B 287 2020 (2020.0690).

13. McBrearty, S. y A. S. Brooks, «The Revolution That Wasn't: A New Interpretation of the Origin of Modern Human Behavior», Journal of Human Evolution, n.° 39, 2000, pp. 453-563.

14. Greenbaum, G. *et al.,* «Was Inter-Population Connectivity of Neanderthals and Modern Humans the Driver of the Upper Paleolithic Transition Rather Than Its Product?», Quaternary Science Reviews, n.º 217, 2019, pp. 316-329.

15. Vernot, B. y J. M. Akey, «Resurrecting Surviving Neandertal Lineages from Modern Human Genomes», Sciences, n.º 343, 2014, pp. 1017-1021.

EL MUNDO ANTES DE NOSOTROS – CÓMO LA CIENCIA ESTÁ REESCRIBIENDO LOS ORÍGENES DE LA HUMANIDAD

DE LA EDICIÓN ORIGINAL INGLESA

Título original: The World Before Us: The New Science Behind Our Human Origins

© Viking, un sello de Penguin Random House, 2021

© del texto: Tom Higham, 2021

DE LA EDICIÓN ESPAÑOLA

© Editorial Planeta, S.A., 2023

© de la traducción: Alberto Delgado, 2023

© Fotografías y figuras: tal como se indica en páginas 291-292

Diseño de cubierta: Sophie Guët

CREATIVE COMMONS

Esta obra se encuentra disponible en Acceso Abierto para copiarse, distribuirse y transmitirse con propósitos no comerciales. Todas las formas de reproducción, adaptación y/o traducción por medios mecánicos o electrónicos deberán indicar como fuente de origen a la obra y su(s) autor(es).

geoPlaneta
Diagonal 662-664. 08034 Barcelona (España)
info@geoplaneta.es - www.geoplaneta.com
www.editorial.planeta.es
www.planetadelibros.com

Primera edición en libro electrónico (epub): febrero de 2023

ISBN: 978-84-08-26863-5 (epub)

Conversión a libro electrónico: Realización Planeta

ÍNDICE

Sinopsis	4
Portadilla	5
Dedicatoria	6
Lista de ilustraciones	7
Nota sobre cronología y fechas	11
Introducción	13
Capítulo 1. Salida de África	25
Capítulo 2. Los neandertales salen a la luz	51
Capítulo 3. El camino a la cueva de Denísova	79
Capítulo 4. La revolución genética	98
Capítulo 5. Una nueva especie humana	114
Capítulo 6. ¿Dónde están los restos fósiles?	130
Capítulo 7. Agujas en un pajar	152
Capítulo 8. La ciencia del «cuándo»	171
Capítulo 9. Tras el rastro de la diáspora humana moderna	193
Capítulo 10. ADN de la tierra	219
Capítulo 11. Los «hobbits»	236
Capítulo 12. El viaje al este de la línea de Wallace	258
Capítulo 13. El «Homo erectus» y la población fantasma	281
Capítulo 14. Desaparecidos del mundo	297
Capítulo 15. Nuestro legado genético	322

Capítulo 16. El mundo antes de nosotros 339
Agradecimientos 352
Créditos fotográficos 357
Láminas 359
Notas 370
Créditos 409
¡Encuentra aquí tu próxima lectura! 411